



Grzegorz Preibisch –

autor zwycięskiego projektu w wirtualnym hackathonie poświęconym walce z koronawirusem, student IV roku Wydziału Lekarskiego WUM i III roku Wydziału Matematyki, Informatyki i Mechaniki UW

Zgodnie z zarządzeniem rektora WUM do 30 września obowiązuje zawieszenie tradycyjnych zajęć dydaktycznych.

Jak wygląda Pana nauka w tym czasie? Jakie formy nauczania zostały wprowadzone?

Zasadniczo bardzo dobrze zorganizowano zajęcia e-learningowe, w których staram się uczestniczyć. W wolnym czasie zaczytuję się w tekstach matematycznych. Chociaż szczerze powiedziawszy, ostatnio jestem pochłonięty pracą nad kontynuacją projektu z wygranego hackathonu.

O ile nie wyobrażam sobie zamienienia ćwiczeń z pacjentem na ćwiczenia online, o tyle internetowa wersja seminariów wypada o wiele lepiej niż na żywo. Można przesłuchać wszystko na spokojnie, bez tracenia czasu na stanie pod salą czy dojazd. Zdecydowanie jestem zwolennikiem pozostania przy tej formie po zakończeniu epidemii. Dobre nagranie seminarium raz na rok wydaje się korzystniejsze niż powtarzanie tego samego materiału z inną grupą; myślę, że może to znacznie podnieść jakość kształcenia i oszczędzić czas dydaktykom. Korzystając z okazji, chciałbym bardzo podziękować nauczycielom za to, że nawet w tak trudnych czasach mamy dostęp do edukacji. Wykonują naprawdę świetną pracę, tym bardziej że część z nich poza zajęciami walczy z epidemią. W imieniu swoim i innych studentów, dziękuję!

Jak zdalne nauczanie oceniają Pana koleżanki i koledzy z roku?

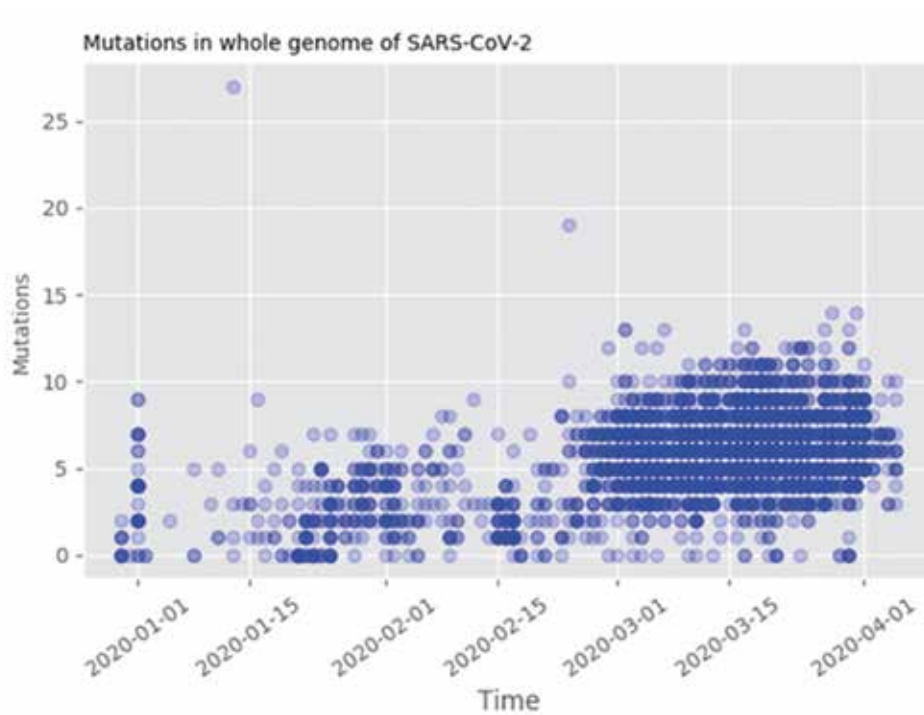
Słuchając ich wypowiedzi, zdaje mi się, że duża część moich znajomych myśli podobnie. Większość woli nauczanie zdalne niż stacjonarne w przypadku seminariów, chociaż są też tacy, którzy wolą zajęcia na żywo.

Jest Pan również studentem Uniwersytetu Warszawskiego. Jakie rozwiązania dydaktyczne wprowadziła ta uczelnia, aby umożliwić zdalne nauczanie?

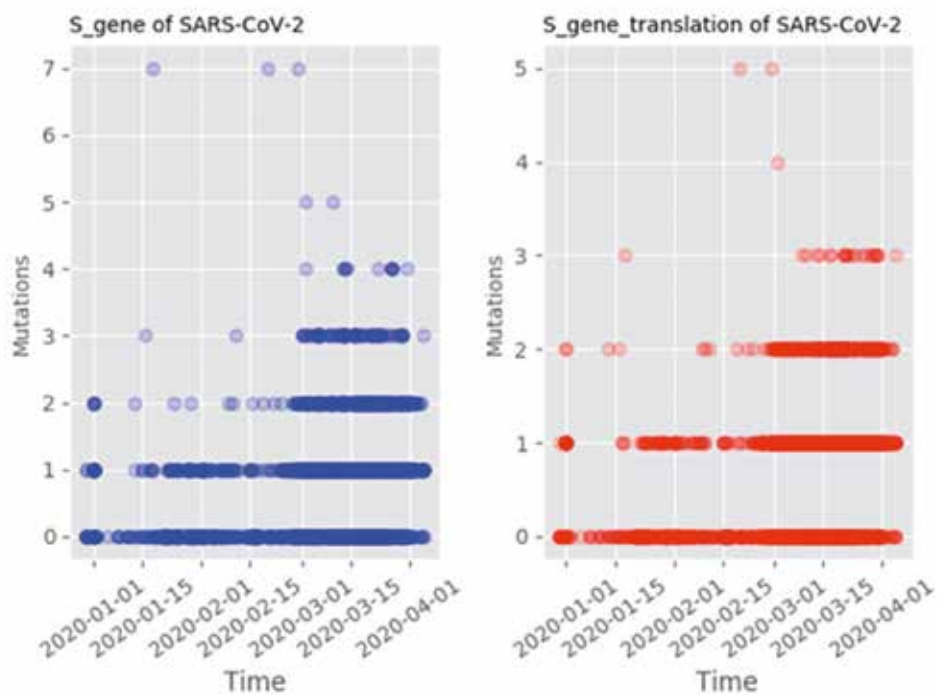
Prawie takie same jak WUM, z tym że tam nie mam nauczania w „blokach”, tylko cotygodniowe zajęcia. Rozwiązuję zadania umieszczone na stronie, a jak mam problemy, to pytam prowadzących drogą mailową.

Studiuje Pan na kierunku lekarskim WUM oraz na Wydziale Matematyki, Informatyki i Mechaniki UW. Dlaczego postanowił Pan kształcić się w tych dwóch, wydawałoby się, dość odległych od siebie dziedzinach?

Dobrze Pan to ujął – wydawałoby się. Matematyczna intuicja związana z rachunkiem prawdopodobieństwa czy statystyką pozwala na szersze zrozumienie przypadków występujących podczas praktyki lekarskiej. Ciężko znaleźć twierdzenia, które potrafiłyby natychmiastowo wpływać na działania praktykującego lekarza, jednak wydaje mi się, że wiedza matematyczna odgrywa kluczową rolę zarówno w tej, jak i innych dziedzinach nauk, a także w samym społeczeństwie. Nie trzeba daleko szukać – nie tak dawno temu za sprawą Cambridge Analytics dowiedzieliśmy się, że efektywne korzystanie z analizy danych może być wykorzystywane nawet do znaczącego manipulowania wyborami czy głosowaniem (sprawa wygranej Donalda Trumpa i brexitu).



Ryc. 1. Wykres przedstawia na osi y liczbę mutacji w zbadanych całych genomach w porównaniu z genomem referencyjnym z końca grudnia, os x przedstawia czas badania mutacji



Ryc. 2. Wykres przedstawia taką samą analizę, lecz skupia się na genie S odpowiadającym za białko Spike, które pełni istotną rolę we wnikaniu wirusa do komórek, wiążąc się z receptorami ACE2 na powierzchni komórek. Na niebiesko zaznaczono mutacje w genie, natomiast na czerwono różnice w aminokwasach budujących białko Spike.

Wykresy są wygenerowane z wielu tysięcy genomów opublikowanych w Internecie, na podstawie naszej analizy, używając biblioteki Matplotlib. Autor: Grzegorz Preibisch

Podobnie w medycynie, analiza danych wsparta matematyką może wspomóc praktykę lekarską: układy leżące u podstaw chorób człowieka w swojej złożoności przekraczają możliwości wyobraźni ludzkiej. Modele matematyczne mogą nam pomóc w zrozumieniu ich, w nadaniu kształtu, a w przyszłości przełożyć się na lepsze terapie i poprawienie jakości życia pacjentów.

Jednak pomijając całą pragmatykę, mój wybór wynika z tego, że od zawsze lubiłem matematykę. Pod koniec liceum zmieniłem zdanie co do wyboru studiów, jednak już na I roku medycyny zacząłem za matematyką tęsknić.

Dlaczego postanowił Pan wziąć udział w zwycięskim dla Pana i Pana zespołu wirtualnym hackathonie poświęconym walce z koronawirusem? Co było dla Państwa katalizatorem do zajęcia się tematem mutacji wirusa SARS-CoV-2?

Zainspirował mnie prof. Tomasz Lipniacki i jego wykład na temat modelu matematycznego SARS-CoV-2 w Instytucie Podstawowych Problemów Techniki PAN. Zacząłem zastanawiać się nad tym, czy wirus zostanie następcą grypy, którego epidemie będziemy musieli przeżywać periodycznie. Postanowiłem zacząć tworzyć model matematyczny i namówiłem Bartosza Białoskórskiego – studenta matematyki UW i informatyki WAT, do rozwiązania tego problemu. Piotr Grzegorzczak – student matematyki UW, przekonał nas, że skoro już robimy model, to może warto wziąć udział w hackathonie.

Połączyliśmy siły i wspólnie pracowaliśmy nad problemem. W sumie to dołączyliśmy w ostatniej chwili i nie do końca wszystko planowaliśmy.

Jakiego problemu dotyczy Państwa projekt i jaki był cel Państwa badań?

Analizowaliśmy publikowane w Internecie genomy wirusa z całego świata i patrzyliśmy na liczbę poszczególnych mutacji w porównaniu z genomem referencyjnym z grudnia 2019 r. Celem było przewidzenie, czy wirus stanie się odporny na powstające już leki celowane albo czy osoby, które uzyskają odporność w wyniku infekcji lub szczepienia, będą zagrożone ponownym zakażeniem w przyszłości.

Co Państwa najbardziej zaciekało, zaskoczyło podczas analizy mutacji tego wirusa?

Znaczna większość genomów w istotnych miejscach nie jest zmieniona. Z obecnych wyliczeń wynika, że średnio raz na dwa tygodnie wirus mutuje w jednym miejscu na prawie 30 tysięcy nukleotydów. To daje nadzieję na to, że epidemia nie będzie powracać po stworzeniu szczepionki. Przygotowaliśmy specjalne wykresy, które są prezentacją analizy mutacji genomu wirusa (ryc. 1, ryc. 2).

Pod koniec kwietnia uczestniczył Pan również w innym międzynarodowym hackathonie. Czy mógłbym poprosić o kilka szczegółów na temat Pana w nim udziału?

W hackathonie EuVsVirus kontynuowaliśmy projekt rozpoczęty na wygranym poprzednim maratonie. Zaczęliśmy prace służące lepszemu eksploracji metod analizy genomów wirusa i jego ewolucji. Polegały one na rozpoczęciu szczegółowych badań regionów konserwatywnych i tych bardziej zmiennych. Dało nam to dodatkową informację o presji ewolucyjnej wirusa. Efekty naszej pracy poskutkowały 3 miejscem w kategorii Research. Tym razem do udziału w hackathonie wysłanych zostało aż 2150 rozwiązań wykonywanych przez ponad 20 tysięcy osób. Dlatego znalezienie się na podium, mając tak dużą konkurencję, cieszy mnie jeszcze bardziej.

W jaki sposób wyniki Państwa badań mogą być wykorzystane w pracach nad powstaniem szczepionki przeciwko COVID-19?

Zasadniczo jeśli jesteśmy w stanie zrekonstruować drzewo filogenetyczne, a także prawdopodobieństwo powstania z obecnej puli wirusów szczepu ze zmutowanym konkretnym fragmentem genomu odpowiadającym za białka, na które są tworzone leki, to pozwoli to oszacować prawdopodobieństwo, że wirus stanie się odporny na lek, zanim on wejdzie na rynek. A także zasugerować potencjalne wskazania w modyfikacji leku. Na razie wyniki są obiecujące.

Czy jest realna szansa, aby Państwa projekt został w tym celu wykorzystany?

Taki jest jego cel. Nie chcę, by była to teoretyczna praca bez żadnego praktycznego zastosowania. Zapraszam chętnych do współpracy. Myślę, że jesteśmy w stanie zaoferować bardzo ciekawe rozwiązania.

Jest Pan członkiem koła naukowego przy Zakładzie Immunologii, a także współpracuje jako wolontariusz w Instytucie Podstawowych Problemów Techniki PAN. Jakie są Pana obecne zainteresowania naukowe? Na jakich zagadnieniach się koncentrują?

Jestem rozdarty pomiędzy miłością do matematyki i medycyny. Fascynuje mnie możliwość głębszego zrozumienia otaczającego nas świata za pomocą matematyki i wykorzystywanie tej wiedzy do rozwiązywania praktycznych problemów. Obecnie głównie interesuję się tematyką immunologii i jej modelowania matematycznego.