

Κωδικός Έργου: TAEDR-0541976

Τίτλος Πράξης: PRO-sCAP – Ολιστική μοριακή προσέγγιση των μηχανισμών ανοσολογικής βλάβης σε ασθενείς με σοβαρή πνευμονία

Παραδοτέο Π4.1 — Ανάλυση γονιδιωματικής έκφρασης κυττάρων στον πνεύμονα

Ενότητα Εργασίας (ΕΕ): ΕΕ4 – Μοριακές αναλύσεις μεγάλης κλίμακας (Multi-OMICs)

1. Σύντομη Περιγραφή Παραδοτέου

Το Παραδοτέο Π4.1 αφορά την ανάλυση γονιδιωματικής έκφρασης κυττάρων του πνεύμονα από ασθενείς με σοβαρή πνευμονία και επιπλοκές της, με στόχο την κατανόηση των μοριακών και κυτταρικών μηχανισμών ανοσολογικής απορρύθμισης. Η ανάλυση βασίστηκε σε σύγχρονες προσεγγίσεις μεταγραφωμικής και βιοπληροφορικής, συμπεριλαμβανομένων αναλύσεων RNA-seq και single-cell RNA sequencing.

2. Κύρια Αποτελέσματα

Στο πλαίσιο του παραδοτέου πραγματοποιήθηκε επεξεργασία και ανάλυση δεδομένων γονιδιακής έκφρασης από κύτταρα βρογχοκυψελιδικού εκπλύματος (BAL) και άλλων πνευμονικών δειγμάτων ασθενών με σοβαρή πνευμονία και πνευμονικές μυκητιάσεις. Οι αναλύσεις ανέδειξαν διακριτές μεταγραφικές υπογραφές που σχετίζονται με ενεργοποίηση φλεγμονωδών μονοπατιών, ανοσοπαράλυση, μεταβολική απορρύθμιση και διαταραχές της λειτουργίας των κυψελιδικών μακροφάγων και άλλων μυελικών φαγοκυττάρων. Παράλληλα, αναγνωρίστηκαν κυτταρικοί υποπληθυσμοί με χαρακτηριστικά κυτταρικής γήρανσης και δυσλειτουργίας του μονοπατιού LC3-associated phagocytosis (LAP).

3. Επιστημονικός και Κλινικός Αντίκτυπος

Η ανάλυση γονιδιωματικής έκφρασης συνέβαλε σημαντικά στην κατανόηση των μηχανισμών παθογένεσης της σοβαρής πνευμονίας και των δευτερογενών μυκητιακών λοιμώξεων. Η ενσωμάτωση δεδομένων μοναδιαίων κυττάρων επέτρεψε τη λεπτομερή χαρτογράφηση του πνευμονικού ανοσολογικού μικροπεριβάλλοντος και τη σύνδεση μοριακών προτύπων με κλινικές εκβάσεις και φαινότυπους ανοσοδυσλειτουργίας.

4. Δυνατότητα Αξιοποίησης

Τα αποτελέσματα του παραδοτέου δημιουργούν σημαντικές προοπτικές για ανάπτυξη νέων βιοδεικτών πρόγνωσης, διαστρωμάτωσης κινδύνου και θεραπευτικής στόχευσης. Οι υποδομές και τα pipelines ανάλυσης γονιδιωματικής έκφρασης μπορούν να αξιοποιηθούν σε μελλοντικές πολυομικές μελέτες, εφαρμογές τεχνητής νοημοσύνης και έργα ιατρικής ακριβείας.

5. Περιορισμοί Δημοσιοποίησης

Δημοσιοποιείται συνοπτική έκδοση του παραδοτέου. Αναλυτικά δεδομένα αλληλούχησης, πλήρη βιοπληροφορικά pipelines και μη δημοσιευμένα αποτελέσματα δεν δημοσιοποιούνται στο παρόν στάδιο, καθώς αποτελούν αντικείμενο συνεχιζόμενων αναλύσεων και επιστημονικών δημοσιεύσεων.

6. Ενδεικτικές Τεχνολογίες και Αναλύσεις

- Bulk RNA sequencing (RNA-seq)
- Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq)
- Βιοπληροφορικές αναλύσεις γονιδιακής έκφρασης
- Χαρτογράφηση κυτταρικών υποπληθυσμών
- Λειτουργικές αναλύσεις μονοπατιών και μεταγραφικών υπογραφών



Με τη χρηματοδότηση
της Ευρωπαϊκής Ένωσης
NextGenerationEU

Η δράση PRO-sCAP χρηματοδοτήθηκε στο πλαίσιο της Δράσης «Εμβληματικές δράσεις σε διαθεματικές επιστημονικές περιοχές με ειδικό ενδιαφέρον για τη σύνδεση με τον παραγωγικό ιστό», μέσω του Εθνικού Σχεδίου Ανάκαμψης και Ανθεκτικότητας «Ελλάδα 2.0», με χρηματοδότηση από την Ευρωπαϊκή Ένωση – NextGenerationEU.