Research

Hasil penyelidikan UMP berkaitan genom Covid-19 diterbitkan untuk rujukan dunia

23 July 2021

KUANTAN, 19 Julai 2021 - Hasil kajian penyelidikan Universiti Malaysia Pahang (UMP) bersama pihak COVID-19 Host Genetics Initiative berhubung penjujukan genom manusia yang bertajuk

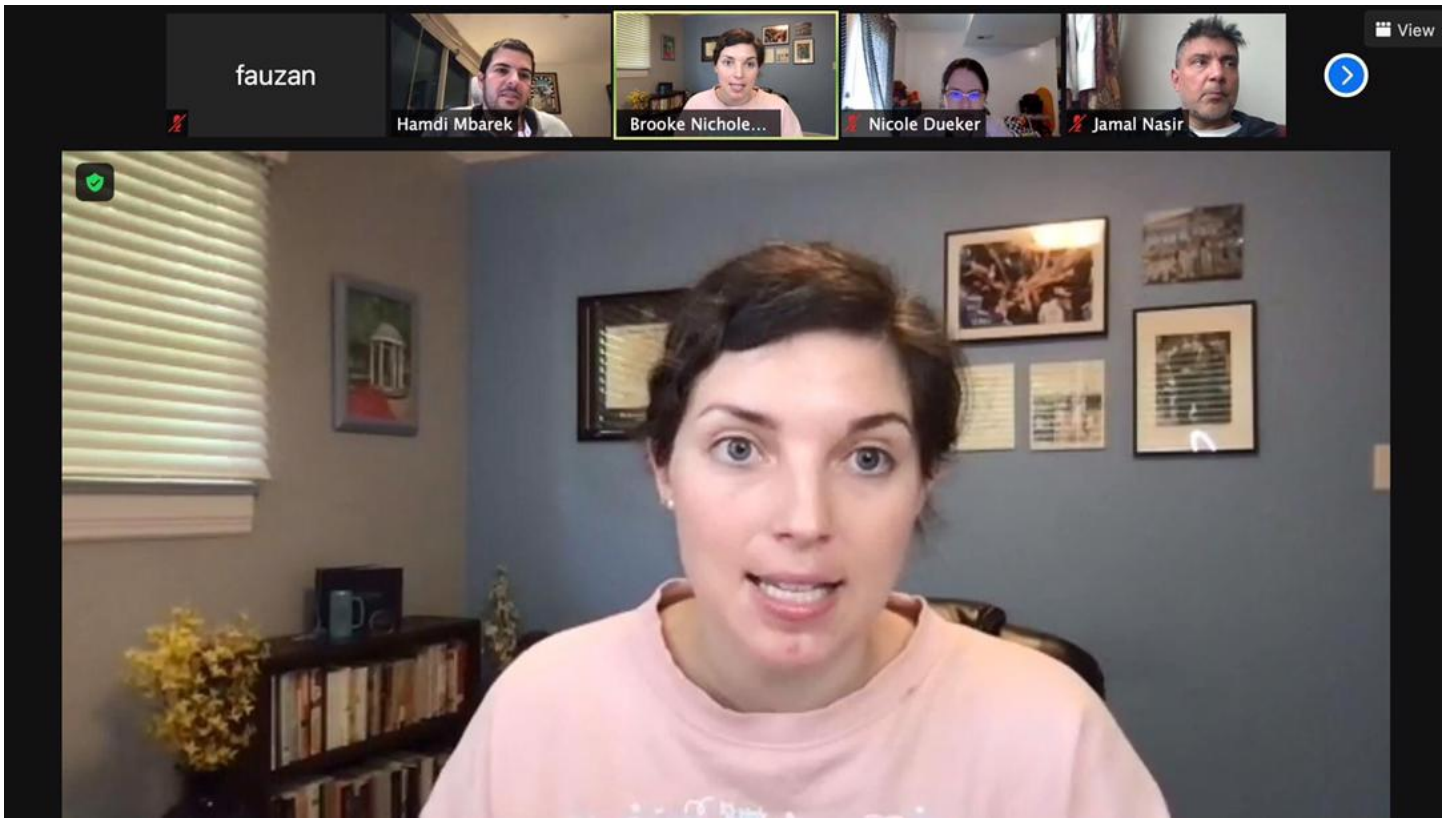
‘Mapping the Human Genetic Architecture of COVID-19’ kini diterbitkan dalam jurnal Nature yang mendedahkan penemuan 13 lokasi genom manusia yang berkaitan dengan jangkitan COVID-19 di seluruh dunia.

Ini termasuklah enam lokus yang tidak dilaporkan dalam kajian genomik manusia COVID-19 sebelumnya.

Usaha pihak antarabangsa ini bermula sejak bulan Mac tahun 2020 dan kini telah berkembang luas dalam kajian mengenai genetik manusia.

Ia merangkumi lebih 3,300 penyelidik dan 46 kajian dari 19 negara membabitkan kohort kajian terbesar bagi kajian Genome-Wide Association Study (GWAS) yang melibatkan sebanyak 2 juta sampel dari seluruh dunia.

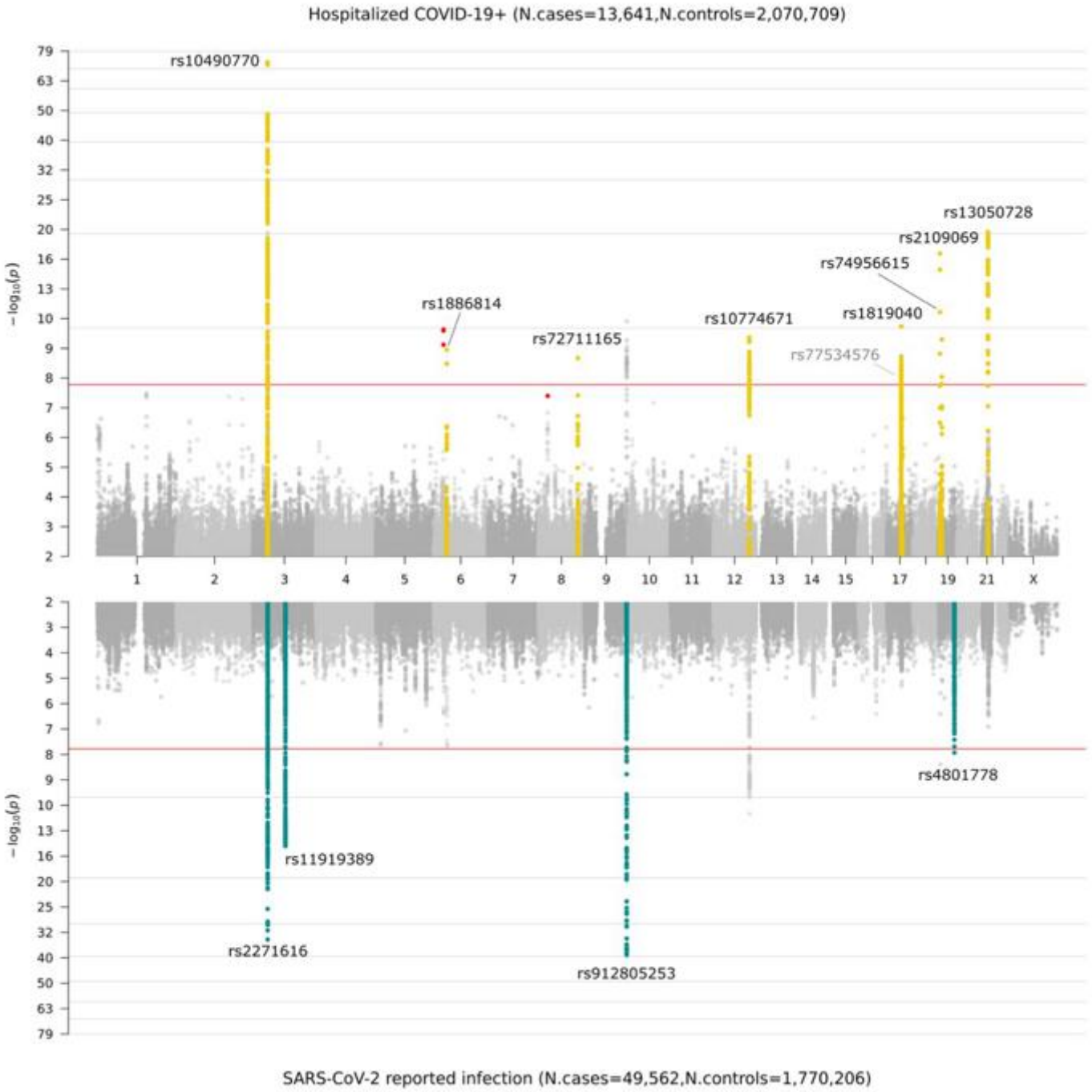
Kajian itu diketuai Andrea Ganna dari Institut Perubatan Molekul Finland (FIMM), University of Helsinki, Pengarah FIMM, Mark Daly dan ahli institusi di Broad Institute of MIT and Harvard (Broad Institute).



Sejak lebih setahun bermulanya wabak ini, para penyelidik telah berusaha memahami situasi sebilangan individu mengalami COVID-19 yang teruk sedangkan yang lain hampir tidak menunjukkan sebarang gejala.

Kajian ini menyasarkan untuk menyiasat peranan genetik manusia dalam jangkitan SARS-CoV-2 dan kesan keseriusan COVID-19 ini.

Dilaporkan terdapat 13 lokasi genom yang signifikan yang berkaitan dengan jangkitan SARS-CoV-2 atau manifestasi teruk COVID-19.



Secara terperinci, terdapat empat lokus yang mempengaruhi kerentanan umum terhadap SARS-CoV-2, manakala sembilan lokus lagi dikaitkan dengan keparahan penyakit antaranya penyebab kanser paru-paru, fibrosis pulmonari dan beberapa penyakit autoimun.

Menurut penyelidik dan pensyarah kanan Fakulti Sains dan Teknologi Industri (FSTI) UMP, Dr. Hajar Fauzan Ahmad, beliau bersyukur kerana telah berpeluang bekerjasama dengan pihak COVID-19 Human Genetics Initiative sejak setahun lalu.

“Konsortium ini mengumpulkan saintis dari seluruh dunia dan penglibatan serta sumbangan UMP untuk pasukan *Scientific Communication* ini telah diabadikan dalam naskhah ini.

“Alhamdulillah, ia juga merupakan suatu pengalaman yang menarik apabila berpeluang untuk bekerjasama dengan penyelidik hebat seperti Kumar, Mark Daly dan Andrea,” katanya.

Ujarnya, kajian kesatuan genom terbesar ini juga mengenal pasti faktor gaya hidup seperti merokok dan indeks jisim badan (BMI) yang tinggi sebagai salah satu penyebab keparahan.

“Genomik manusia boleh menjadi alat yang berkesan untuk memahami mekanisme biologi yang mendasari tindak balas imun terhadap jangkitan tertentu untuk mengenal pasti individu yang berisiko dan mengembangkan ubatan dan vaksin baharu untuk jangkitan yang ada atau yang baharu muncul,” ujarnya.

Untuk perkembangan yang lain, Dr. Hajar Fauzan juga turut giat menjalankan kajian penjujukan genom bagi mengenal pasti varian virus yang ada di negeri Pahang.

Beliau kini terlatih dalam kepakaran penjujukan genom mikrob daripada University of Copenhagen, Denmark.

Terkini, naskhah kajian kumpulan beliau yang bertajuk *Near-Complete Genome Sequences of Nine SARS-CoV-2 Strains Harbouring the D614G Mutation in Malaysia* telah diperakui dan diterbitkan di peringkat antarabangsa.

Turut sama dalam penyelidikan ini ialah pensyarah dan pelajar pascasiswazah UMP serta dibantu pensyarah daripada Universiti Islam Antarabangsa Malaysia (UIAM).

Para penyelidik terdiri daripada Profesor Dr. Gaanty Pragas Maniam, Dr. Ahmad Mahfuz Gazali, Dr. Ummuafeera Zainulabid, Dr. Norhidayah Kamarudin, Dr. Ahmad Hafiz Zulkifly, Dr. Han Ming Gan, Darren Tay, Shing Wei Siew, Dr. Aini Syahida Mat Yassin dan Dr. Ahmad Afif Mohd. Faudzi.

Berkongsi penemuannya dalam kajian ini, kajian ini penting bagi saintis dan pengamal perubatan dalam memahami pola perubahan virus melalui mutasi sepanjang tempoh setahun yang lalu.

“Melalui kajian ini juga, kami dapat memahami bagaimana virus-virus ini membentuk varian-varian yang wujud sehingga kini.

“Selain itu, virus ini merupakan kumpulan mikrob yang amat mudah termutasi disebabkan pelbagai faktor manakala hipotesis mendapati virus ini mudah terubah secara mutasi pada susunan jujukan genomnya,” ujarnya.

Disediakan oleh: Mimi Rabita Abdul Wahit, Unit Komunikasi Korporat, Pejabat Naib Canselor (PNC)

TAGS / KEYWORDS

Genom

Covid -19

- 491 views

View PDF