**eP23. Μελέτη ευρυ-γονιδιωματικής συσχέτισης (GWAS) για την παρατεινόμενη νόσο COVID-19**

*Άμπντου Μούσας1, Αλέξανδρος Ασημακόπουλος1, Ηρώ Ράπτη3, Άγγελος Λιόντος3, Μαρία Κοσμίδου3, Ειρήνη Χριστάκη3, Ιωάννης Γεωργίου5, Κωνσταντίνα Γκαρτζονίκα4, Ευάγγελος Ευαγγέλου1, Ευαγγελία Ντζάνη1,2, Χαράλαμπος Μηλιώνης3, Ιωάννα Τζουλάκη1, Κωνσταντίνος Τσιλίδης1.*

1. Εργαστήριο Υγιεινής και Επιδημιολογίας, Τμήμα Ιατρικής Πανεπιστημίου Ιωαννίνων, 45110 Ιωάννινα, Ελλάδα.

2. Πανεπιστημιακό Ερευνητικό Κέντρο, Ινστιτούτο Βιοεπιστημών, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, 45110 Ιωάννινα, Ελλάδα.

3. Τομέας Παθολογίας, Τμήμα Ιατρικής Πανεπιστημίου Ιωαννίνων, Α’ Παθολογική Κλινική Πανεπιστημιακού Νοσοκομείου Ιωαννίνων.

4. Εργαστήριο Μικροβιολογίας, Τμήμα Ιατρικής Πανεπιστημίου Ιωαννίνων, Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Ιωαννίνων.

5. Εργαστήριο Γενετικής Ιατρικής, Τμήμα Ιατρικής Πανεπιστημίου Ιωαννίνων, 45110 Ιωάννινα, Ελλάδα.

**Εισαγωγή**: Διάφορα γονίδια έχουν συσχετιστεί με τον κίνδυνο λοίμωξης από τον ιό SARS-COV-2 καθώς και με την σοβαρότητα της οξείας λοίμωξης που προκαλεί (νόσος COVID-19). Παρόμοιες γενετικές συσχετίσεις για την παρατεταμένη νόσο COVID-19 (σύνδρομο long-COVID) δεν έχουν πραγματοποιηθεί.

**Σκοπός**: Αναλύσαμε το γονιδίωμα ασθενών με συμπτώματα παρατεταμένης νόσου COVID-19 και τα συγκρίναμε με ασθενείς χωρίς συμπτώματα μετά το πέρας της οξείας λοίμωξης με σκοπό να αποκαλύψουμε περιοχές στο γονιδίωμα που σχετίζονται με αυξημένο κίνδυνο εμφάνισης παρατεταμένων συμπτωμάτων.

**Μέθοδος**: Αναλύσαμε ασθενείς με COVID-19 που νοσηλεύτηκαν στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων από τον Νοέμβριο 2020 έως τον Μάϊο 2021 και παρείχαν πληροφορίες για συμπτώματα παρατεταμένης νόσου ή μη, κατά την επανεκτίμηση τους στους 3 μήνες μετά τη νοσηλεία τους. Συλλέχθηκε γενετικό υλικό και πραγματοποιήθηκε ευρυγονιδιωματική ανάλυση (GWAS) για 8.710.342 εκατομμύρια πολυμορφισμούς διορθώνοντας για φύλο, ηλικία και τις 10 πρώτες κύριες γενετικές συνιστώσες.

**Αποτελέσματα**: Από τους 200 ασθενείς (126 άνδρες / 74 γυναίκες, μέση ηλικία: 59.14±12.71 / 59.03±12.67 έτη) που νοσηλεύτηκαν με COVID-19, εντοπίστηκαν 77 περιπτώσεις με συμπτώματα του συνδρόμου long-COVID (40 άνδρες / 37 γυναίκες, μέση ηλικία: 59.24±12.64 / 59.61±12.77 έτη). Η ισχυρότερη σχέση εντοπίστηκε στο γονίδιο THSD7A (OR=3.89, p-value=2.56×10-4). Συνολικά, εντοπίστηκαν 19 ανεξάρτητοι γενετικοί τόποι με p-value<0.001.

**Συμπεράσματα**: Δεν εντοπίστηκαν ισχυρά στατιστικά σημαντικές σχέσεις στο δείγμα που εξετάστηκε, γεγονός που εξηγείται από τη μειωμένη στατιστική ισχύ του δείγματος. Η παρούσα μελέτη αποτελεί μέρος της μετα-ανάλυσης του συνασπισμού Covid-19 Host Genetics Initiative.