



زیرگروه‌های "کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲" عفونی‌تر شده‌اند

محققان دانشگاه ایالتی میشیگان (Michigan State University) آمریکا در مطالعه اخیرشان با بررسی مطالعه یادگیری ماشین اظهار کرده‌اند پنج مورد از شش زیر گروه کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ عفونی‌تر و مسری‌تر شده‌اند.

محققان دانشگاه ایالتی میشیگان (Michigan State University) آمریکا در مطالعه اخیرشان با بررسی مطالعه یادگیری ماشین اظهار کرده‌اند پنج مورد از شش زیر گروه کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ عفونی‌تر و مسری‌تر شده‌اند.

به گزارش ایسنا، یک مدل یادگیری ماشین جدید که توسط محققان دانشگاه ایالتی میشیگان ساخته شده است نشان می‌دهد که جهش ژنوم کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ باعث مسری‌تر شدن ویروس شده است.

محققان توسط این مدل که توسط "گووی وی" (Guowei Wei) استاد دانشکده ریاضیات و بیوشیمی و زیست‌شناسی مولکولی تهیه شده است، تعیین ساختار ژنتیکی کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ بیش از ۲۰ هزار نمونه ژنوم ویروسی را مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند.

تعیین ساختار ژنتیکی (Genotyping)، فرایندی است که طی آن تفاوت‌ها در آرایش ژنتیکی (ژنوتیپ) یک فرد بوسیله بررسی توالی دی.ان.ای فرد با استفاده از آزمایش‌های بیولوژیکی و مقایسه آن با توالی شخصی دیگر یا یک توالی مرجع مشخص می‌شود.

طی این مطالعه محققان جهش‌های مربوط به پروتئین میخ مانند را مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند و دریافتند که پنج مورد از شش زیرگروه شناخته شده ویروس اکنون عفونی‌تر هستند.

مانند هر ویروس، بسیاری از جهش‌ها در نهایت خوش‌خیم و بی‌خطر هستند و یا خطر اندکی برای بیماران آلوده دارند. برخی جهش‌ها حتی باعث کاهش عفونت می‌شوند. اما برخی جهش‌ها منجر به ویروس عفونی‌تر می‌شوند.

طی این مطالعه محققان ماه‌ها الگوی جهش‌ها و مکان آنها را مورد مطالعه و تحلیل قرار دادند و تغییرات رخ داده در نمونه رسمی ژنوم ویروسی که در ژانویه ثبت شده بود را ردیابی کردند.

سؤال مهم محققان این است که نتایج این جهش‌ها در انتقال، تشخیص، پیشگیری و درمان کووید-۱۹ چیست.

عفونت ویروسی هنگامی اتفاق می‌افتد که پروتئین میخ مانند مذکور با یک گیرنده سلول میزبان انسانی بنام "آنزیم تبدیل آنژیوتانسین ۲ - ACE۲" به طور کوتاه ارتباط برقرار کند. وی در این باره گفت: عفونت ویروسی در صورت تقویت پیوند اتصال، افزایش می‌یابد. در حال حاضر، بیش از ۵۰ جهش مرتبط با رابط اتصال دهنده در دامنه اتصال گیرنده پروتئین‌های میخ مانند (RBD) یافت شده است که ۱۹۴ مکان جهش ممکن در آن وجود دارد.

مدل یادگیری ماشینی که استاد "وی" توسعه داده است، یک شبکه عصبی پیشرفته است که قادر به بررسی و تجزیه و تحلیل بیش از هشت هزار سوابق تعامل پروتئین برای تعیین تأثیر جهش‌های شناخته شده فعلی بر اتصال پروتئین میخ مانند کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ است.

نتیجه بررسی این داده‌ها با مدل مذکور نشان داد که افزایش میل اتصال در پنج مورد از شش زیرگروه شناخته شده نشان دهنده این موضوع است که عفونت ممکن است در نتیجه جهش‌ها افزایش یافته باشد.

وی گفت: این بسیار مهم است که بدانیم که آیا زیرگروه‌های آینده کروناویروس سندرم حاد تنفسی ۲ یک خطر قریب الوقوع برای سلامت عمومی ایجاد می‌کند. برای این منظور، ما یک غربالگری سیستماتیک از تمام ۳ هزار و ۶۸۶ مدل جهشی که ممکن است در آینده در ۱۹۴ محل جهش در دامنه اتصال گیرنده پروتئین‌های میخ مانند رخ دهد را انجام دادیم.

مدل وی پیش‌بینی می‌کند که باقیمانده‌های متعدد بر روی شکل اتصال دهنده گیرنده - یک منطقه جزء دامنه اتصال گیرنده پروتئین‌های میخ مانند- شانس بالایی برای جهش در سویه‌های کووید-۱۹ آلوده‌تر دارند.

وی هشدار می‌دهد که اگرچه پیش‌بینی‌های مبتنی بر هوش مصنوعی با یافته‌های آزمایشگاهی موجود مطابقت دارد، اما مطالعات بیشتری برای درک کامل اثرات جهش در عفونت کووید-۱۹ لازم است که برای پاسخ به سلامت عمومی به کووید-۱۹ بسیار مهم است. به عنوان بخشی از تحقیقات خود، وی و تیمش همچنین پیش‌بینی کرده‌اند که کروناویروس جدید در سراسر جهان پخش شده است کمی عفونی‌تر از ویروس اصلی سارس که در سال ۲۰۰۳ کشف شد، است. وی گفت که نتایج با نتایج مطالعه دیگری که اخیراً

توسط محققان پژوهشگاه اسکریپس در فلوریدا منتشر شده ، مطابقت دارد. در این مطالعه جهش پروتئین میخ مانند در یک آزمایشگاه مورد بررسی قرار گرفت و محققان دریافتند که ویروس از راه هایی که باعث افزایش عفونت آن می شود جهش می یابد.