



شناسایی ۴ جهش کرونا ویروس خاص ایران/با زدن ماسک از "تجمع جهش‌ها" جلوگیری کنیم

معاون فناوری پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری با اشاره به اقدامات این پژوهشگاه در زمینه شناسایی تغییر جهش‌های ویروس کرونا، گفت:

معاون فناوری پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری با اشاره به اقدامات این پژوهشگاه در زمینه شناسایی تغییر جهش‌های ویروس کرونا، گفت: بر اساس مطالعات انجام شده در ایران حدود ۲۳ جهش ژنوم این ویروس را مشاهده و گزارش کردیم، ضمن آنکه ۴ نوع از جهش‌های مشاهده شده خاص ایران است. البته در اروپا نیز جهشی از این ویروس یافت شد که خاص آن منطقه و قدرت شیوع آن ۹ برابر سایر جهش‌ها است.

دکتر محمدعلی ملبوبی در گفت‌وگو با ایسنا، اظهار کرد: با اعلام رسمی شیوع کرونا در کشور، یکی از مسایلی که با آن مواجه شدیم، این بود که باید فراوانی جهش‌ها در جمعیت را شناسایی کنیم در غیر این صورت در تشخیص، درمان و تولید واکسن راه به جایی نخواهیم برد.

وی ادامه داد: از این رو طرح شناسایی جهش این ویروس در ایران و جهان را در دستور کار قرار دادیم که این طرح شامل دو بخش "آزمایشگاهی" و "داده‌های سطح جهان" است.

ملبوبی مطالعات در بخش آزمایشگاهی را مطالعه بر روی ویروس کروناای شیوع یافته در ایران دانست و یادآور شد: علاوه بر آن داده‌های موجود در دنیا را جمع‌آوری و آنالیز کردیم.

معاون فناوری پژوهشگاه زیست فناوری با تأکید بر اینکه در حال حاضر ۹۰ هزار مورد توالی ژنوم کامل ویروس کرونا در دسترس است، خاطر نشان کرد: برای آنکه بتوانیم داده‌های جمع‌آوری شده را آنالیز کنیم، پاپ لاینی ایجاد شد تا بتوانیم از این طریق به سرعت داده‌ها را به صورت اتوماتیک و پشت سر هم ردیف و جهش‌های ویروس کرونا را شناسایی کنیم.

ملبوبی اضافه کرد: نتیجه این اقدام تهیه جداولی از جهش‌های ژنتیکی این ویروس شد و ما تصمیم گرفتیم این داده‌ها را در اختیار عموم قرار دهیم؛ از این رو در سایت پژوهشگاه بخشی با عنوان "ردیابی ژنتیکی ویروس کرونا" ایجاد شد که در این بخش هم داده‌های ایران مربوط به جهش ژنوم این ویروس و هم داده‌های کشورهای مختلف بارگذاری شده است.

به گفته وی، این داده‌ها به تفکیک ژن‌های ویروس در دسترس است که به طور دائم به هنگام خواهد شد.

معاون فناوری پژوهشگاه زیست فناوری با اشاره به اهمیت و کاربرد داده‌های مربوط به جهش ویروس کرونا، توضیح داد: محققانی که بر روی واکسن این ویروس متمرکز هستند، به اطلاعاتی نظیر پروتئین S نیاز دارند تا جهش‌های رخ داده شده در این ویروس را شناسایی کنند که این اطلاعات از طریق این سایت قابل دسترسی است.

جهش‌هایی که ویروس کرونا داشته است

ملبوبی با اشاره به جهش‌های ایجاد شده در کرونا ویروس، گفت: ما برای آنکه جهش‌های این ویروس را شناسایی کنیم، یک ژنوم آن را مرجع قرار می‌دهیم و همه ویروس‌های نوپدید از این ویروس را با ژنوم مرجع مقایسه می‌کنیم.

وی ادامه داد: از این طریق قادر خواهیم بود که بفهمیم در کجاها و در کدام توالی، ژنوم تغییر یافته است.

معاون فناوری پژوهشگاه زیست فناوری با بیان اینکه در ایران حدود ۲۳ جهش ژنوم این ویروس را مشاهده و گزارش کردیم، اظهار کرد: این جهش‌های ژنومی که ما مشاهده کردیم، با سایر کشورها مشابه است به غیر از ۴ مورد از این جهش‌ها که خاص ایران است.

ملبوبی اضافه کرد: بر این اساس ما از بیماران مختلف ویروس را جداسازی و آن را توالی‌یابی می‌کنیم و داده‌های

به دست آمده در پایگاه داده ها جمع آوری خواهد شد.

اثرات جهش ویروس

وی با تاکید بر اینکه معمولا جهش ویروس اثری ندارد، یادآور شد: در صورتی که تغییر ایجادشده موجب شود که مزیتی برای بقا در جمعیت پیدا کند، ما به این مرحله نرسیده ایم و در فاز شناسایی جهش ها و قرار دادن آن در اختیار پژوهشگران هستیم تا آنها در تحقیقات خود از این داده ها استفاده کنند.

ملبوبی در پاسخ به این سوال که اینکه جهش ژنوم این ویروس خاص ایران باشد، معنای خاصی دارد یا خیر، توضیح داد: فرض ما بر این است که جهش ها به صورت تصادفی رخ می دهند و این تنها یک پیش فرض است، ولی بر این اساس آنالیزها را انجام می شود.

وی اضافه کرد: اینکه برخی از جهش ها خاص ایران است، به این معنا خواهد بود که ۴ نمونه ویروسی داریم که در سایر کشورها موجود نیست، همانطور که در اروپا نیز واریانتهای از این ویروس است که بسیار شیوع یافته و غالب شده و حتی میزان شیوع آن ۹ برابر بیشتر از جهش های قبلی است.

ضرورت توجه به پروتکل های بهداشتی کرونایی

معاون فناوری پژوهشگاه زیست فناوری تاکید کرد: برای آنکه ما بتوانیم این ویروس را مدیریت کنیم، باید روش هایی را اتخاذ کنیم که جهش ها خیلی در جمعیت تجمع پیدا نکنند و این تنها راهکار است و باید میزبان ها را از هم جدا نگه داریم.

وی با بیان اینکه جداسازی میزبان ها بسیار ساده و از طریق زدن ماسک امکان پذیر خواهد بود، ادامه داد: از این طریق جهشی که در بدن یک فرد ایجاد می شود، وارد سایر میزبان ها نخواهد شد، در غیر این صورت جهش بیشتری به این ویروس اضافه خواهد شد که ما به آن «تجمع جهش ها» می گوئیم.

ملبوبی در این باره تاکید کرد: جهش ها به طور معمول خطرناک نیستند و بیشتر اوقات بی اثر هستند، ولی زمانی که تجمع می یابند، می توانند در تغییر رفتار ویروس کرونا اثرگذار باشند، ضمن آنکه اختلاط جهش ها با یکدیگر اقدامات درمانی و ساخت واکسن را دشوارتر می کند.

وی افزود: با توجه به این واقعیت مردم ما می توانند با انگیزه بیشتری از ماسک استفاده کنند، ضمن آنکه زمینه مناسبی فراهم می شود که بتوانیم این بیماری را کنترل کنیم.

به گزارش ایسنا، یکی از ویژگی های مهم ویروس ها وقوع تغییرات نوکلئوتیدی حین تکثیر در داخل میزبان است. این عامل باعث شده تا طراحی واکسن موثر علیه این بیماری با چالش روبرو شده و دقت کیت های تشخیصی تا حدود ۵۰ درصد کاهش یابد. لذا پروژه ردیابی ژنتیکی کرونا ویروس توسط جمعی از محققان از اواخر سال ۱۳۹۸ در پژوهشگاه زیست فناوری شروع شد تا دستاوردهای علمی این محققان بتواند قدمی در پیشگیری و کنترل این ویروس باشد.

در وب سایت توالی یابی ژنتیکی ویروس کرونای پژوهشگاه ملی زیست فناوری و مهندسی ژنتیک در حال حاضر آنالیزهای بیوانفورماتیکی بر روی بیش از ۸۰ هزار توالی نوکلئوتیدی مربوط به کرونا ویروس در ایران و جهان بارگذاری شده است که به تفکیک کشور و نوع ژن قابل دسترس خواهد بود.