



آیا می‌توان پاندمی بعدی را پیش‌بینی کرد؟

با توجه به شیوع گسترده بیماری کووید-۱۹ و پیامدهای منفی آن، پژوهشگران سراسر جهان سعی دارند تا راهی را برای پیش‌بینی بیماری همه‌گیر بعدی ارائه دهند.

با توجه به شیوع گسترده بیماری کووید-۱۹ و پیامدهای منفی آن، پژوهشگران سراسر جهان سعی دارند تا راهی را برای پیش‌بینی بیماری همه‌گیر بعدی ارائه دهند.

به گزارش ایسنا، بیماری‌های مشترک میان انسان و حیوانات، بیماری‌هایی هستند که از حیوانات به انسان منتقل می‌شوند. ویروس‌های منتقل شده از حیوانات، زمینه‌ساز برخی از بدترین بیماری‌های همه‌گیر جهان بوده‌اند؛ از طاعون منتقل شده از موش‌ها گرفته تا آنفلوآنزای اسپانیایی که منشا آن پرندگان هستند. "کروناویروس سندروم حاد تنفسی ۲" (SARS-CoV-2) که عامل بیماری کووید-۱۹ است نیز به عنوان یک بیماری نشأت گرفته از حیوان شناخته می‌شود. "مرکز کنترل و پیشگیری از بیماری آمریکا" (CDC) تخمین می‌زند که بیش از ۶۰ درصد بیماری‌های عفونی شناخته شده انسان، از حیوانات نشأت می‌گیرند.

پژوهشگران امیدوارند که با ردیابی منابع احتمالی بیماری مشترک انسان و حیوان، بتوانند از انتقال بیماری از حیوانات به انسان جلوگیری کنند. شکارچیان ویروس (virus hunter)، روش‌های گوناگونی را برای شناسایی بیماری‌های نشأت گرفته از حیوانات دارند که ممکن است روزی جمعیت‌های انسانی را مبتلا کنند. برخی از پژوهشگران، پایگاه داده مربوط به بیماری‌های عفونی نوظهور را برای پیش‌بینی مناطقی از جهان که احتمال بروز همه‌گیری در آنها وجود دارد، استفاده کرده‌اند. پروژه موسوم به "پردیکت" (PREDICT) متعلق به "آژانس توسعه جهانی آمریکا" (USAID) از این روش استفاده می‌کند و آفریقا، جنوب و جنوب شرقی آسیا و آمریکای لاتین را به عنوان مناطق احتمالی برای ظهور بیماری‌های مشترک انسان و حیوان پیش‌بینی کرده است. در این پروژه، داده‌هایی در مورد توزیع جغرافیایی پستانداران ناقل بیماری جمع‌آوری شد و پژوهشگران، مناطق مذکور را به عنوان کانون‌های بالقوه ویروس نام بردند.

"مرکز کنترل و پیشگیری از بیماری آمریکا" (CDC) تخمین می‌زند که بیش از ۶۰ درصد بیماری‌های عفونی شناخته شده انسان، از حیوانات نشأت می‌گیرند.

ویروس‌های مشترک میان انسان و حیوان طی قرن‌ها موجب بروز بیماری‌های همه‌گیر در جوامع انسانی شده‌اند. این دقیقاً همان اتفاقی است که اکنون در مورد همه‌گیری کووید-۱۹ رخ داده است.

یک پرسش کلیدی این است که آیا می‌توان پیش‌بینی کرد که کدام حیوان یا ویروس، عامل همه‌گیری بعدی خواهند بود؟ این پرسش، پژوهشگران را به تلاش در مورد پیش‌بینی خطر همه‌گیری بیماری‌های مشترک میان انسان و حیوان سوق داده است تا بتوانند خانواده ویروس‌ها و گروه‌های میزبانی را که می‌توانند حامل ویروس‌ها باشند، مشخص کنند.

مشکلات پیش‌بینی همه‌گیری

این که آیا دانشمندان واقعا می‌توانند شیوع بیماری‌های همه‌گیر را پیش‌بینی کنند یا خیر، موضوع بحث‌های علمی است. دکتر "رابرت تش" (Robert Tesh)، ویروس‌شناس "واحد پزشکی دانشگاه تگزاس" (UTMB) گفت: علم هنوز به اندازه کافی نمی‌تواند بیماری‌های مشترک میان انسان و حیوان را کنترل کند تا مدل‌های پیش‌بینی موثری را ارائه دهد.

در هر حال، چالش دیگری نیز در این زمینه وجود دارد. حتی پس از این که پژوهشگران بتوانند بیماری مشترک بین انسان و حیوان را با موفقیت شناسایی کنند، تعداد بی‌شماری از عوارض آنها باقی می‌ماند. استدلال دکتر تش این است که ویروس‌های ویژه‌ای مانند "زیکا" (Zika) یا "نیل غربی" (West Nile)، زمانی که به شیوع عفونت منجر شدند، جدید نبودند؛ بلکه پیش از این که هزاران نفر را آلوده کنند، به طور غیرقابل پیش‌بینی به مناطق جدیدی منتقل شدند.

همچنین، ویروس‌ها می‌توانند به سرعت و به طور غیرقابل پیش‌بینی جهش یابند، از بین بروند یا میزبان‌های جدید را به گونه‌ای آلوده کنند که هیچ اکتشافی نتواند برای مقابله با آنها آماده شود. حتی پس از شناسایی یک ویروس در حیوانات، تضمینی وجود ندارد که آن ویروس حتماً انسان را نیز مبتلا کند. دکتر "استفان هلمز" (Stephen Holmes)، زیست‌شناس تکاملی با توجه به این واقعیت، استدلال کرد که اطلاعات کافی برای پیش‌بینی این که کدام بیماری به انسان سرایت می‌کند، وجود ندارد و صرفاً

یک ایده پیش بینی کننده نمی تواند اطلاعاتی را در مورد بیماری همه گیر بعدی ارائه دهد.

دکتر "رابرت تش" (Robert Tesh)، ویروس شناس "واحد پزشکی دانشگاه نگزاس" (UTMB) گفت: علم هنوز به اندازه کافی نمی تواند بیماری های مشترک میان انسان و حیوان را کنترل کند تا مدل های پیش بینی موثری را ارائه دهد.

این اطلاعات حتی بیماری های شناخته شده مشترک میان انسان و حیوان را که میزبان حیوان آنها به طور دقیق شناسایی نشده است، پوشش نمی دهند. پس از گذشت چندین سال از شیوع ابولا در غرب آفریقا، پژوهشگران هنوز نمی توانند منشأ قطعی این عفونت را مشخص کنند.

دکتر "باربارا هان" (Barbara A. Han)، پژوهشگر "مؤسسه کری" (Cary Institute) آمریکا گفت: داده هایی که به من و همکارانم امکان می دهند تا بیماری های مشترک بین انسان و حیوان در آینده را پیش بینی کنیم، محدود هستند و زمانی که صحبت از بیماری های منتقل شده از حیوان به میان می آید، اطلاعات پایه ای در مورد آنها و این که کدام گونه حامل چه ویروسی بوده است، وجود ندارد.

وی افزود: گاهی اوقات، عامل بیماری را یا انگل به بدن انسان سرازیر می شود و در برخی موارد به همین جا ختم می شود و بیشتر از این پیش نمی رود اما برخی از آنها می توانند از شخصی به شخص دیگر منتقل شوند؛ بنابراین انتقال ثانویه برای ویروسی که پتانسیل تبدیل شدن به بیماری همه گیر را دارد، واقعا حیاتی است.

دکتر "میشل ویل" (Michelle Wille)، پژوهشگر "دانشگاه سیدنی" (USYD) و همکارانش، چندین مشکل کلیدی را در رابطه با پیش بینی خطر بیماری های مشترک میان انسان و حیوان شناسایی کرده اند.

دکتر "باربارا هان" (Barbara A. Han)، پژوهشگر "مؤسسه کری" (Cary Institute) آمریکا گفت: داده هایی که به من و همکارانم امکان می دهند تا بیماری های مشترک بین انسان و حیوان در آینده را پیش بینی کنیم، محدود هستند و زمانی که صحبت از بیماری های منتقل شده از حیوان به میان می آید، اطلاعات پایه ای در مورد آنها و این که کدام گونه حامل چه ویروسی بوده است، وجود ندارد.

نخست این که پیش بینی ها براساس مجموعه کوچکی از داده ها صورت می گیرند. پژوهشگران به رغم دهه ها بررسی، احتمالاً کمتر از ۰۰۱/۰ درصد از همه ویروس هایی را که احتمالاً بیماری همه گیر بعدی از آنها پدیدار خواهد شد، شناسایی کرده اند.

دومین مشکل این است که این داده ها به شدت نسبت به ویروس هایی که بیشتر انسان ها یا حیوانات کشاورزی را آلوده می کنند یا بیشتر به عنوان بیماری مشترک میان انسان و حیوان شناخته شده اند، سوگیری دارند. واقعیت این است که بیشتر حیوانات از نظر آلودگی به چنین ویروس هایی بررسی نشده اند و ویروس ها به قدری سریع تکامل می یابند که چنین بررسی هایی به زودی قدیمی خواهند شد و ارزش محدودی خواهند داشت.

استدلال پژوهشگران این است که نیاز به یک روش جدید احساس می شود که نمونه برداری گسترده از حیوانات و انسان ها را در محل تعامل آنها شامل شود. این امر باعث می شود که ویروس های جدید به محض ظاهر شدن در انسان و پیش از ایجاد بیماری های همه گیر شناسایی شوند. چنین نظارت پیشرفته ای ممکن است به پژوهشگران کمک کند تا از تکرار شدن اتفاقی مانند همه گیری کووید-۱۹ جلوگیری کنند.

پژوهشگران به رغم دهه ها بررسی، احتمالاً کمتر از ۰۰۱/۰ درصد از همه ویروس هایی را که احتمالاً بیماری همه گیر بعدی از آنها پدیدار خواهد شد، شناسایی کرده اند.

پیش بینی همه گیری با کمک رایانه و یادگیری ماشینی

استفاده از رایانه برای پیش بینی شیوع بیماری عفونی پیش از آغاز آن ممکن است کمی علمی-تخیلی به نظر برسد اما دانشمندان در حال نزدیک شدن به این ایده هستند. آنها از یادگیری ماشینی برای پیش بینی دقیق در مورد این که کدام حیوانات ممکن است حاوی ویروس ها، باکتری ها و قارچ های خطرناک باشند، استفاده می کنند. پیش بینی های بهتر می تواند به متخصصان در بهبود نحوه پیشگیری و واکنش نشان دادن به شیوع بیماری کمک کند.

تقریباً همه موارد همه گیری بیماری های عفونی جدید زمانی رخ می دهد که یک ویروس، باکتری یا قارچ از حیوان به انسان

منتقل شود. پیش بینی دقیق زمان و مکان شیوع این بیماری ها می تواند آنها را پیش از تبدیل شدن به بیماری همه گیر از بین ببرد اما حفظ کردن نظارت فعال بر انتقال بیماری در سراسر جهان، پرهزینه و زمان بر است.

گروهی از دانشمندان مؤسسه کری به سرپرستی دکتر هان، در جهت محدود کردن جستجو، یک برنامه رایانه ای را برای تجزیه و تحلیل پایگاه بزرگی از داده ها شامل عادات و زیستگاه های پستانداران ابداع کرده اند. برنامه رایانه ای آنها، ۸۶ متغیر گوناگون مانند اندازه بدن، طول عمر و تراکم جمعیت را برای بررسی الگوهای رایج زندگی در میان حیواناتی که ناقل بیماری به انسان هستند، ارزیابی می کند.

دکتر هان و همکارانش، بررسی های خود را تنها به جوندگان محدود کردند تا ارزیابی ها به صورت ساده تری انجام شوند. انتخاب جوندگان از آن جهت بود که حامل شمار قابل توجهی از بیماری های مشترک میان و انسان هستند. هان گفت: حیوانات حامل چنین بیماری هایی، زندگی کوتاهی دارند، دوره بارداری و تولید مثل آنها سریع پیش می رود و در جوانی از دنیا می روند.

دانشمندان مطمئن نیستند که چرا این سبک زندگی در میان جوندگان ناقل بیماری های مشترک بین انسان و حیوان رایج است اما آنها حدس می زنند که چرخه تولید مثل سریع ممکن است به حیوانات امکان دهد تا پیش از این که بیماری آنها را از بین ببرد، ژن های خود را با موفقیت منتقل کنند.

هان و گروهش ابتدا از برنامه خود برای شناسایی الگوهای سبک زندگی مشترک در جوندگانی که حامل بیماری هایی مانند طاعون سیاه، هاری و ویروس هانتا هستند، استفاده کردند و دریافته اند که مدل آنها دارای میزان دقت ۹۰ درصدی است.

این مدل رایانه ای تاکنون بیش از ۱۵۰ گونه جانوری را شناسایی کرده است که می توانند حامل بیماری های مشترک بین انسان و حیوان باشند. همچنین این برنامه رایانه ای، ۵۸ عفونت جدید را در جوندگانی که پیشتر به عنوان ناقل بیماری مشترک بین انسان حیوان شناخته شده بودند، شناسایی کرد.

دانشمندان مطمئن نیستند که چرا این سبک زندگی در میان جوندگان ناقل بیماری های مشترک بین انسان و حیوان رایج است اما آنها حدس می زنند که چرخه تولید مثل سریع ممکن است به حیوانات امکان دهد تا پیش از این که بیماری آنها را از بین ببرد، ژن های خود را با موفقیت منتقل کنند.

گسترش مهاجرت انسان به مناطق جغرافیایی جدید و داشتن تماس نزدیک با حیوانات وحشی و اهلی به علاوه تغییرات آب و هوایی، بروز بیماری های مشترک میان انسان و حیوان را افزایش داده است. به همین ترتیب، افزایش جابه جایی حیوانات، مردم و تولید فرآورده های حیوانی نیز نقش مهمی در این زمینه داشته است. بنابراین، بهبود ارتباطات جهانی، هماهنگی و همکاری بین متخصصان برای پیشگیری، شناسایی، بررسی، اولویت بندی و واکنش نشان دادن به بیماری های مشترک میان انسان و حیوان ضروری است. تقویت این ارتباطات، برای ایجاد یک سیستم هشدار با هدف جلوگیری یا کاهش همه گیری بعدی ضروری است.

پژوهشگران "دانشگاه گلاسگو" (University of Glasgow) برای رسیدن به این هدف، روش جدیدی را ارائه داده اند. آنها طی پژوهشی که در مجله "PLOS BIOLOGY" به چاپ رسید، از ویژگی های ژنوم ویروس و انسان برای ابداع مدل های یادگیری ماشینی استفاده کردند تا احتمال انتقال ویروس از حیوان به انسان را پیش بینی کنند.

دکتر "ناردوس مولنتسه" (Nardus Molentze)، از پژوهشگران این پروژه گفت: حوزه کشف ویروس در سال های اخیر، پیشرفت های قابل توجهی داشته است. این پیشرفت تا اندازه ای است که ویروس هایی که پیشتر برای علم ناشناخته بودند، اکنون شناسایی می شوند. در هر حال، باید بررسی شود که آیا این ویروس ها تهدید به شمار می روند یا خیر.

وی افزود: همکاران من در سال ۲۰۱۸ نشان دادند که ژنوم های ویروس، حاوی سیگنال کافی برای روش های یادگیری ماشینی هستند و می توانند به شناسایی منشأ آنها از جمله خفاش ها، جوندگان و نخستین سانان کمک کنند.

به عبارت دیگر، آنها نشان دادند که مدل یادگیری ماشینی با تجزیه و تحلیل یک ژنوم ویروسی به تنهایی، می تواند نوع حیوانی را که ویروس به واسطه آن باعث عفونت می شود، شناسایی کند. مولنتسه ادامه داد: این پرسش برای ما ایجاد شد که آیا ژنوم های ویروس ممکن است حاوی سرنخ هایی در مورد توانایی آن ها برای مبتلا کردن انسان ها باشد یا خیر.

پژوهشگران، توالی ژنوم را از ۸۶۱ گونه ویروس متعلق به ۳۶ خانواده متفاوت جمع آوری کردند که می توانند حیوانات را آلوده کنند.

آنها در این پژوهش، با استفاده از اطلاعات مجموعه داده های منتشرشده، هر ویروس را براساس توانایی آن در مبتلا کردن انسان طبقه بندی کردند.

همچنین، آنها به شباهت هر ویروس با ویروس هایی که می توانند انسان را مبتلا کنند، اشاره کردند و مدل های یادگیری ماشینی را برای پیش بینی ابتلا ساختند. مدل یادگیری ماشینی آنها توانست ۸/۷۰ درصد از ویروس هایی را که می توانند انسان را آلوده کنند، به درستی شناسایی کند.

یک شرکت فعال در زمینه هوش مصنوعی موسوم به "بلودات" (BlueDot)، از یادگیری ماشینی برای بررسی بیماری های عفونی همه گیر استفاده کرده است این شرکت، یک مدل یادگیری ماشینی را ارائه داده است که می تواند نخستین نشانه های ابتلا را شناسایی کند. این مدل، احتمال شیوع بیماری را به سرعت تشخیص می دهد و هشدارهای ابتدایی را ارسال می کند.

اگرچه این مدل یادگیری ماشینی در حال حاضر برای شناسایی احتمال شیوع بیماری طراحی شده است اما سازندگان امیدوارند که در آینده بتوان از آن برای بهبود ارائه درمان و واکسن نیز استفاده کرد و راه های بهتری را برای پیشگیری از همه گیری بیماری ارائه داد.

شرکت بلودات، یک مدل یادگیری ماشینی را ارائه داده است که می تواند نخستین نشانه های ابتلا را شناسایی کند. این مدل، احتمال شیوع بیماری را به سرعت تشخیص می دهد و هشدارهای ابتدایی را ارسال می کند.

اپلیکیشن هایی برای پیش بینی همه گیری

شاید به زودی، برخی از اپلیکیشن های ویژه بتوانند همه گیری های آینده را پیش بینی کنند. یکی از این اپلیکیشن ها، "اسپیل اور" (Spillover) نام دارد که توسط دانشمندان حوزه بیماری های عفونی "دانشگاه کالیفرنیا، دیویس" (UC Davis) ابداع شده است.

این اپلیکیشن، یک برنامه ارزیابی خطر است که صدها ویروس، میزبان و عامل خطر محیطی را برای شناسایی ویروس هایی با بالاترین میزان خطر انتقال بیماری، به طور مستقیم مقایسه می کند.

"اسپیل اور" با بررسی ۳۲ عامل خطر در مورد ویروس ها و میزبان ها از جمله محیط و رفتارهای انسانی، امتیازی را برای ویروس ها ثبت می کند، ویروس هایی که بالاترین امتیاز را به دست بیاورند، بالاترین میزان خطر را برای انتقال به انسان در بر دارند.

دانشمندان امیدوارند که این اپلیکیشن بتواند با رتبه بندی ویروس ها، به سیاست گذاری بهتر در حوزه سلامت، نظارت بر بیماری و کاهش خطر همه گیری کمک کند.

اپلیکیشن هایی از این دست می توانند با کاهش زمان مورد نیاز برای شناسایی و ردیابی ویروس، به پیشگیری از شیوع بیماری کمک کنند و بسیار سودمند باشند اما این نتیجه در صورتی حاصل خواهد شد که تعداد قابل توجهی از مردم آن را دانلود کنند و مورد استفاده قرار دهند. همچنین، حفظ حریم شخصی کاربران نیز یکی از موضوعاتی است که باید رعایت شود.

در هر حال، چند سال درگیر بودن با بیماری کووید-۱۹ موجب شده تا هر راهی که بتواند به جلوگیری از بروز همه گیری های مشابه در آینده کمک کند، بیش از اندازه مورد استقبال قرار بگیرد.