

عنوان مقاله:

نقش وراثت و تنوع ژنتیکی در پاندمی کووید-19

محل انتشار:

اولین همایش ملی تولید دانش سلامتی در مواجهه با کرونا و حکمرانی در جهان پسا کرونا (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 9

نویسندگان:

فاطمه دهقانی - دانشجوی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی دانشکده پزشکی، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد
ایران

پگاه خاکساری - دانشجوی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی دانشکده پزشکی، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد
ایران

خلاصه مقاله:

زمینه: در پاندمی کووید-19، یکی از مهم ترین چالش های دنیا، تنوع ژنتیکی حایز اهمیت است. هدف: یافتن تاثیر ژنوم در شدت ابتلا به کووید-19 و شناسایی ژن های موثرتر می باشد. روش: این مقاله، یک مقاله مروری است که از مطالعه مقالات پژوهشی سال 2020 با استفاده از سایت های معتبر news-com، medical.net، the-scientist.com، sciencedirect.com، و scientificamerican و همچنین به کار بردن کلید واژه های کرونا و ویروس، ژنتیک، نئاندرتال ها، ژن های موثر بر عفونت، انجام شد. یافته ها: برخی بیماران مبتلا به نقص ایمنی، مستعد ابتلا به عفونت های شدیدتری در جریان بیماری کووید-19 هستند که احتمالاً پایه ژنتیکی دارد. برخی ژن های دیگر در پاسخ به عفونت، در کروموزوم X واقع شده اند. وجود آثار ژن نئاندرتال ها (گونه ای از انسان های نخستین) در برخی افراد، می تواند پاسخگوی متفاوت بودن شدت ابتلا به ویروس کووید-19 باشد. تحقیقات، مصونیت بیشتر افراد دارای گروه خونی O در برابر نارسایی تنفسی را، در برابر گروه خونی O نشان می دهد. روی کروموزوم 3، یک ژن کدکننده پروتئین دخیل در ورود این ویروس به سلول و دو ژن کدکننده کموکاین ها قرار دارد. آلل های HLA (Human Leukocyte Antigen)، مولکول های سیتوکاین و طوفان سیتوکین (نوعی پروتئین شبه هورمون) که در ایمنی در برابر کووید-19 موثر هستند، از DNA نشأت گرفته اند. نتیجه گیری: عوامل ژنتیکی موثر بر شدت ابتلا به کرونا که تاکنون شناسایی شده است همراه با عواملی که در آینده شناسایی می شوند، در مرحله پیشگیری و درمان، از جمله ساخت واکسن و داروی موثر برای این بیماری، مفید هستند.

کلمات کلیدی:

کووید-19، ژنوم، گروه های خونی، نئاندرتال ها

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1127252>

