

عنوان مقاله:

بررسی تاثیر جهش ژنوم SARS-COV-2 بر ویژگی VOCها

محل انتشار:

دومین همایش ملی تولید دانش سلامتی و حکمرانی در جهان پسا کرونا (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسنده:

یاسمن فتاحی - دانشجوی کارشناسی، دانشگاه فرهنگیان اصفهان، مرکز شهید رجایی، اصفهان، ایران

خلاصه مقاله:

زمینه: ویروسها با هر بار تکثیر، جهش کرده و گونه های مختلفی ایجاد میکنند. بر خلاف ویروسهای دارای DNA، فراوانی جهش در ویروسهای دارای RNA، از جمله کرونا ویروسها، بیشتر است. با گذشت زمان، جهشهای مفید برای انتشار ویروس، از طریق انتخاب طبیعی حفظ شده و بقیه از بین میروند. با بررسی گونه های خطرناک کنونی مشخص شده توسط سازمان بهداشت جهانی و شناسایی جهشهای موجود در ژنوم آنها، میتوان جهشهای بعدی را پیشبینی کرد. اهداف: VOCها گونه هایی از ویروس هستند که توسط سازمان بهداشت جهانی به عنوان گونه های نگران کننده، شناخته شده اند. با توجه به امکان ظهور گونه های جدید خطرناکتر از VOCها، لازم است جهش های کنونی و ویژگی آنها، بررسی شوند تا در صورت بروز گونه های جدید، اقدامات متقابل صورت پذیرد. روش: در این مطالعه مروری برای جستجوی مقالات از سه پایگاه PubMed، ScienceDirect، و Google Scholar و کلیدواژه های SARS-COV-2 Mutations، SARS-COV-2 Variants، B.1.1.7، B.1.1.519، P.1 و B.1.617.2 استفاده شد. مقالاتی که هدف نگارش این مقاله را در برندا شدند، از مراحل مطالعه حذف گردید. یافته ها: جهشهای مختلفی در ژنوم ویروس میتوانند در افزایش سرایت، مقاومت در برابر ایمنی های طبیعی و واکسن و شدت بیماری و عفونت تاثیر بگذارد. از جمله مهمترین آنها، جهشهای ایجاد شده در ژن کد کنند پروتئین اسپایک است. جهش هایی مثل P681R، N501Y و L452R برافزایش سرایت و E484Q/K و K417T/N در فرار از ایمنی موثر هستند. نتیجه گیری: با توجه به اینکه ویروس SARS-COV-2 همچنان در حال تکثیر و جهش است، لازم است نظارتهای دقیقی بر روی ژنوم گونه های کنونی، صورت گیرد تا واکسنها متناسب با ویژگی ویروس تقویت شده و از ظهور گونه های جدید، جلوگیری شود.

کلمات کلیدی:

SARS-COV-2، Spike، Variant، جهش

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1446923>

