

عنوان مقاله:

بررسی فیلوژنتیک و تنوع ژنتیکی ویروس مولد کووید-۱۹

محل انتشار:

فصلنامه فرهنگ و ارتقای سلامت، دوره 4، شماره 1 (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسنده:

سیدمهدی سیدی

خلاصه مقاله:

زمینه و هدف: ظهور کووید-۱۹ توسط کروناویروس SARS-CoV-2 با علائم سندرم حاد تنفسی در ماه دسامبر سال ۲۰۱۹ در شهر ووهان کشور چین، با شیوع بسیار سریع همراه بوده و به سرعت به مرحله همه گیری جهانی رسید. این مطالعه با هدف معرفی انواع ژنتیکی ویروس مولد کووید-۱۹ صورت گرفته است. روش: بررسی فیلوژنتیکی ویروس SARS-CoV-2 به منظور شناسایی تنوع ژنتیکی ویروس های شیوع یافته در ایران انجام و با ۶ کشور منتخب مقایسه شد. یافته ها: بررسی فیلوژنتیکی ویروس SARS-CoV-2 نشان داد که تنوع های ژنتیکی ایجاد شده در ژنوم ویروس در حال حاضر به حدی نیست که بتواند اختلافات فیلوژنتیکی قابل توجهی را بین ژنوم ویروس های به دست آمده از مناطق جغرافیایی گوناگون (در مجموع ۱۹ کشور از قاره های مختلف) ایجاد کند ولی می تواند خوشه بندی های متنوعی را شکل دهد. بررسی جهش های ویروس SARS-CoV-2 نشان داد که ویروس های شیوع یافته در ایران دارای شش تنوع ژنتیکی تکنوکلوئیدی (SNPs) در ژن های غیرساختاری و ساختاری و یک اضافه شدن (Insertion) شش نوکلئویدی در ناحیه ژن RNA-dependent RNA polymerase می باشند. مقایسه تنوع های ژنتیکی ویروس های ایران با شش کشور منتخب مورد بررسی (هند، آمریکا، نپال، ایتالیا، اسپانیا و فرانسه) نشان از منحصر به فرد بودن تنوع ژنتیکی ویروس های شیوع یافته در ایران دارد. نتیجه گیری: نتایج مطالعات نشان می دهد که ارتباط مستقیمی بین جهش های رخ داده در ژنوم ویروس SARS-CoV-2 و تغییر در بیماری زایی ویروس وجود دارد. بنابراین می توان نتیجه گرفت که بررسی منظم تنوع ژنتیکی ویروس در هر کشور در طول زمان شیوع این بیماری همه گیر می تواند داده های ارزشمندی را برای ساخت واکسن و دارو در اختیار قرار دهد.

کلمات کلیدی:

Acute Respiratory Syndrome, COVID-19, Genetic Variation, Phylogenetic, تفاوت های ژنتیکی، سندرم حاد تنفسی.

فیلوژنتیک، کووید-۱۹

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1735023>

