

## وقتی فیزیک، انتقال کروناویروس را توضیح می‌دهد!

پژوهشگران آمریکایی از مدل‌های ریاضی فیزیک استفاده کرده‌اند تا انتقال کروناویروس و جهش‌های گوناگون آن را توضیح دهند.

به گزارش ایسنا و به نقل از وبسایت رسمی "دانشگاه کالیفرنیا، ریورساید (UCR)"، در زمان همه‌گیری "کروناویروس سندروم حاد تنفسی ۲ (SARS-CoV-2)"، چندین گونه جدید و قابل انتقال دیگر از این ویروس ظاهر شده‌اند. آگاهی از اینکه جهش‌های خاص چگونه بر انتقال کروناویروس تأثیر می‌گذارند، می‌تواند به درک بهتر زیست‌شناسی ویروس و کنترل شیوع بیماری کمک کند.

"جان بارتون (John Barton)"، دانشیار فیزیک و نجوم دانشگاه کالیفرنیا، ریورساید گفت: به کارگیری روش‌های محاسباتی موجود برای مقادیر زیادی از داده‌ها، دشوار است یا بر فرضیات بسیار محدودی تکیه دارد. آزمایش‌ها می‌توانند اطلاعات بسیار خوبی را در مورد نحوه تأثیر جهش‌های مختلف بر ویروس ارائه دهند اما نمی‌توان از آنها برای بررسی مستقیم انتقال کروناویروس سندروم حاد تنفسی ۲ در انسان استفاده کرد.

بارتون و همکارانش، یک روش محاسباتی جدید برای حل این مشکل ارائه داده‌اند که در آن از مدل‌های آماری ریاضی فیزیک برای همه‌گیرشناسی استفاده می‌شود. این روش به آنها امکان می‌دهد تا داده‌های مربوط به توالی ژنوم کروناویروس را که به مرور زمان و از افراد آلوده ساکن بسیاری از نواحی سراسر جهان جمع‌آوری شده‌اند، مورد بررسی قرار دهند و اثر جهش‌های گوناگون را بر انتقال کروناویروس پیدا کنند. این روش می‌تواند سابقه تکامل کروناویروس طی دوره همه‌گیری را به بهترین وجه توضیح دهد.

بارتون ادامه داد: ویژگی جدید روش ما این است که می‌توان آن را در مورد سفر افراد آلوده بین مناطق به کار برد. سایر مدل‌ها قادر به انجام دادن این کار نیستند. نکته دیگر اینکه روش‌های مبتنی بر فیزیک به ما امکان می‌دهند تا یک عبارت ریاضی دقیق را برای اثر انتقال جهش‌های مختلف بنویسیم و برای تخمین زدن این پارامترها، بر شبیه‌سازی‌های عددی تکیه نداشته باشیم.

بارتون و همکارانش پس از تایید روش خود روی شبیه‌سازی‌ها، آن را روی بیش از ۱,۶ میلیون توالی به دست آمده از پایگاه داده موسوم به "GISAID" اعمال کردند که از ۸۷ منطقه جغرافیایی جمع‌آوری شده بودند.

بارتون گفت: پژوهش‌های بسیاری روی جهش در پروتئین خوشه‌ای کروناویروس متمرکز شده‌اند و تجزیه و تحلیل‌های ما از تاکید بر نقش پروتئین خوشه‌ای به عنوان عامل اصلی انتقال کروناویروس پشتیبانی می‌کنند. حدود نیمی از تاثیرگذارترین جهش‌ها، در پروتئین خوشه‌ای رخ می‌دهند. با وجود این، ما جهش‌های متعددی را نیز در بیرون از پروتئین خوشه‌ای پیدا کردیم که به نظر می‌رسد انتقال ویروس را به شدت افزایش می‌دهند. برخی از این جهش‌ها ممکن است اهداف خوبی برای آزمایش‌های آینده باشند تا نشان دهند که جهش‌های گوناگون چگونه بر عملکرد کروناویروس تأثیر می‌گذارند.

بارتون توضیح داد که روش آنها به اندازه کافی حساس است تا بتواند فواید انتقال کروناویروس را برای جهش‌هایی که بیشتر خنثی در نظر گرفته می‌شدند، نشان دهد. همچنین، بارتون و گروهش می‌توانند افزایش انتقال انواع اصلی مانند آلفا و دلتا را به سرعت و در عرض یک هفته پس از ظهور آنها، در داده‌های منطقه‌ای تشخیص دهند. مجموعه داده‌هایی که این گروه پژوهشی هنگام نوشتن مقاله خود در نظر گرفتند، توالی‌های سویه آمیکرون را در بر نداشت زیرا داده‌ها فقط تا ماه اوت ۲۰۲۱ جمع‌آوری شده بودند.

بارتون افزود: با وجود این، حتی بدون مشاهده توالی‌های سویه آمیکرون در داده‌ها، ما پیشتر تخمین زدیم که آمیکرون براساس جهش‌هایی که با سایر سویه‌های کروناویروس مشترک هستند، ساده‌تر از سویه آلفا منتقل می‌شود. اگرچه ما در پژوهش خود به طور خاص بر کروناویروس سندروم حاد تنفسی ۲ تمرکز کرده‌ایم اما روش ما بسیار کلی است و می‌توان از آن برای بررسی انتقال سایر عوامل بیماری‌زا مانند ویروس آنفلوانزا نیز استفاده کرد.