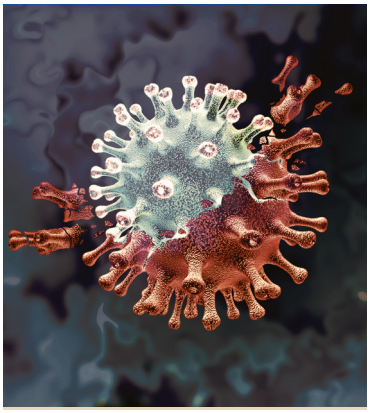
Security Policy Papers
أوراق السياسات الأمنية
Volume 1, Issue (1), 2021, https://nauss.edu.sa
http://spp.nauss.edu.sa/spp
جامعة نايف العربية للعلوم الأمنية
NAIF ARAB UNIVERSITY FOR SECURITY SCIENCES
Est. 1978
رؤى أمنيـة

السلالات الجديدة لفيروس كورونا وانعكاساتها على الأمن الصحي

New variants of COVID-19 and their impact on health security

سيد أمين عامر
قسم علوم الأدلة الجنائية، كلية العدالة الجنائية
جامعة نايف العربية للعلوم الأمنية

Sayed Amin Mohamed Amer
Department of Forensic Sciences, College of Criminal Justice, Naif Arab University for Security Sciences



الرسائل الأساسية:

- تم اكتشاف 172 سلالة جديدة نتجت عن تغيرات متنوعة في تسلسل مئة جينوم فيروسي لكوفيد19-، تمثلت في إضافة وحذف واستبدال الأحرف الوراثية للجينوم وقت انتقاله من شخص إلى آخر.
- نتجت السلالات الجديدة بمعدل أعلى بمقدار150% من انتقال الفيروس بين الأفراد.
- هناك احتمالان لانتقال الفيروس بين البشر أحدهما: اعتماده على التوزيع الجغرافي للتركيبة السكانية والآخر: اعتماده على منشأ الفيروس، وهناك أدلة مقنعة حول المنشأ الصيني له.

المقدمة

من أهم العوامل التي تسهم في مكافحة تفشي فيروس كورونا: معرفة المسار الحقيقي لانتقال الفيروس من منشئه الأصلي إلى الإنسان. وتشير الأدلة البيولوجية الحالية إلى أن فيروس «COVID-19»، قد نشأ من مصدر حيواني (Chan et al., 2020)، حيث تؤكد البياناتُ الجينية أن درجة التشابه في التسلسل الجينومي لسلالات الفيروس، التي تصيب مجموعات خفافيش حدوة الفرس المنتشرة في جبال الصين، كبيرة جدًّا مع تلك التي أصابت الإنسان. وعلى الرغم من ذلك فإنه حتى الآن لا توجد أدلة علمية كافية تحدد مصدر فيروس «COVID-19» أو توضح المسار الأصلي لانتقال عدواه بين البشر. ولذلك فإن الحاجة إلى الدراسات والبحوث التي من شأنها تحديد آلية انتقال الفيروس بين أفراد المجتمع البشري، وتحديد الدور المحتمل والخطورة المتوقعة من سلالاته المستحدثة ملحة جدًّا.

ويصنف فيروس كورونا المستجد ضمن الفيروسات التاجية سريعة التحور التي تصيب الجهاز التنفسي. وتبين الدراسات ظهور مئات السلالات منذ بدء انتشار الفيروس في ديسمبر من عام 2019م حتى مطلع عام 2021م.

1658-8886© 2021. SPP. This is an open access article, distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-NonCommercial License.
CrossMark

لا ينبغي القلق من وجود سلالات جديدة، حيث إنه أمر طبيعي، كما توصلت هذه الدراسة من خلال وجود التغير الجينومي المستمر إلى استمرار انتقال الفيروس

ويتكوَّن الفيروس من الحمض النووي الريبي الفردي الذي يُعرف بـ«الجينوم» وغلاف بروتيني، و يتراوح حجمه بين 28000 و30000 حرف وراثي فردي، ويتميز بوجود قبعة مكونة من 260 حرفًا وراثيًّا، وذيل مكون من 300 حرف وراثيّ، وفيما بين القبعة والذيل توجد 10 جينات، ويعتبر الجين الأول منها هو الأكبر، حيث يتكون من 14 وحدة جينية تعمل على تكوين البروتينات الوظيفية اللازمة لنشاط الفيروس، وبقية الجينات التسعة تقوم بالوظائف التركيبية في هيكل الفيروس. وتنشأ السلالات الجديدة للفيروس من حدوث تغير في تسلسل الأحرف الوراثية لجينومه (فيما يعرف بالطفرات)، منها: إحلال حرف وراثي مكان آخر بشكل يغيِّر تركيب البروتين الناتج عن نشاط الجين أو استبدال إستاتيكي لا يغير تركيب البروتين، ومنها تغير بالحذف وتغير بالإضافة، وكلاهما إما يتغيَّر به التركيب البروتيني للفيروس وإما لا يتغيَّر. ومن ملاحظة التغييرات الطفرية التي فُحصت في جينومات السلالات التي غزت بلدان العالم يمكن استقراء احتمالين لانتشار الفيروس، أولهما: أن السلالات الجديدة تختلف باختلاف الموقع الجغرافي، بحيث تتشابه تغيرات السلالات المنتشرة في القارة مع بعضها، وتتشابه طفرات سلالات القطر مع بعضها. وهذا من شأنه الإسهام في التغلُّب على الفيروس بإنتاج لقاحات متخصصة تحول دون انتشاره. أما الاحتمال الثاني فهو أن السلالات المستحدثة لا يمكن تمييز بعضها عن بعض، فلا يمكن تمييز سلالات دولة عن سلالات دولة أخرى، وهذا الاحتمال قد يؤكده ظهور السلالة الجديدة في بريطانيا مؤخرًا، حيث يعد الفيروس الجديد عابرًا للقارات في انتشاره بغضِّ النظر عن الموطن أو البيئة التي نشأ فيها، ولا تزال آراء الباحثين متباينة حول هذين الاحتمالين. ويعني الاحتمال الثاني خطورة الوضع، وأن أمام العالم وقتًا غير قصير حتى يتغلَّب على الفيروس أو يتصدَّى له، حيث بات من الصعب تحديد أو حتى التكهن بالجزء الجيني من جينوم الفيروس الذي يمكن أن يسهم في إنتاج لقاحات متخصصة واسعة المدى. وتعني الطفرات المكتشفة في هذه الدراسة تغيرًا في سلوك الفيروس عند انتقاله من فرد إلى آخر، وهو ما يجعل الوصول إلى لقاح، أو مصل لعلاجه أو لتمكين الجهاز المناعي البشري من التغلب عليه، أمرًا صعبًا (عامر، سيد، 2020).

المنهجية

ومنذ ظهور فيروس كورونا المستجد في وهان الصينية في نهاية عام 2019م حتى كتابة هذه الورقة ومعامل الوراثة الجزيئية حول العالم في سباق مستمر في قراءة جينوم الفيروس للبحث في ثلاثة مسارات رئيسة وهي: معرفة السلالات الجديدة من الفيروس، إنتاج لقاحات للحيلولة دون انتشاره، والكشف عن منشأ الفيروس ومسارات انتشاره بين البشر؛ من أجل ذلك سعت هذه الدراسة إلى الوصول إلى البيانات الضخمة لجينوم الفيروس المتاحة في بنوك الجينات (Open big data)، التي ذخرت بما يزيد على ثلاثمئة ألف جينوم تمت قراءتها حتى يناير 2021م. وانتقت هذه الدراسة ما يزيد على مئة جينوم من هذه الجينومات؛ راعت فيها التنوع الجغرافي للفيروس والدول التي تفشى فيها بشكل كبير، وموثوقية ودقة البيانات (Amer, 2021). عالجت الدراسة البيانات المنتقاة

ببرامج المعلوماتية الحيوية عالية الدقة (Swofford, 2003)، وحللت سلالات الفيروس المحتملة بأحدث تقنياتها.

النتائج

توصلت الدراسة إلى أن من بين مئة جينوم أمكن تعريف 172 سلالة، تباينت في أنواعها تبعًا للتغيير الوراثي الحادث عند انتقال الفيروس من شخصٍ إلى آخر؛ بمعنى أن الفيروس قد ينتج عددًا من السلالات أكبر بما يزيد على 150% من معدل انتشاره بين البشر، وحيث إن هذه الدراسة قد امتدت إلى بضعة أشهر ولم يتحدث خلالها أحدٌ عن وجود سلالات جديدة إلا خلال ديسمبر الماضي حين ظهرت سلالة في المملكة المتحدة أعلنت على إثرها الإغلاق التام، وكذلك عدة دول أوربية، وأغلقت المملكة العربية السعودية مجالها الجوي، ومنافذها البرية والبحرية لمدة أسبوعين على إثر ذلك. وتشير هذه الدراسة إلى أنه على الرغم من انتشار السلالات الجديدة قبل الهجمة الأخيرة التي ألمت بأوروبا ودول أخرى من إفريقيا وآسيا؛ فإنه لا ينبغي القلق إلى هذا الحد من وجود سلالات جديدة، حيث إنه أمر طبيعي، كما توصلت هذه الدراسة من خلال وجود التغير الجينومي المستمر إلى استمرار انتقال الفيروس من شخص إلى آخر؛ غير أن الدراسة رجحت استمرار سباق إنتاج اللقاحات كلما سنحت الفرصة للمختصين بالتعرف على التغير الحادث في البروتين الشوكي الذي يغلف الفيروس (Spike Protein)، وكلما حدث تغير في هذا البروتين دعت الحاجة إلى لقاح جديد يناسب هذا التغير، وكلما كان اللقاح واسع التأثير في هذا البروتين المغلف للفيروس كان أكثر فاعليةً وأنجع مناعةً.

كلما حدث تغير في البروتين الشوكي الذي يغلف الفيروس (Spike Protein)، دعت الحاجة إلى لقاح جديد يناسب هذا التغير، وكلما كان اللقاح واسع التأثير في هذا البروتين المغلف للفيروس كان أكثر فاعليةً وأنجع مناعةً.

التوصيات

لقد أرهقت هذه الجائحة العالم في جميع مناحي تنميته المستدامة وبخاصة الاقتصادية والمجتمعية والصحية، وأثرت على البنى التحتية له، وضربت، مع ذلك، دولٌ أروع الأمثلة في إدارة أزمتها؛ من أبرزها المملكة العربية السعودية إلى جانب كل من الصين وألمانيا. وقد انعكس ذلك جليًّا في الأمن الصحي للمملكة، حيث كلفت قيادة المملكة وزارة الصحة بإدارة الأزمة وتضافرت معها جهود وزارات الداخلية والدفاع المدني والتعليم والإعلام والخدمة المدنية والحج والشئون الإسلامية والأوقاف والمالية، ووظفت المملكة الذكاء الاصطناعي في هذه الجائحة، وضربت في ذلك مثلًا يحتذى به.

وأخيرًا يوصي هذا الملخص وزارة الصحة السعودية بما لديها من إمكانات بعدة توصيات تنعكس إيجابًا على الأمن الصحي، منها ما يأتي:

قراءة تسلسل جينوم الفيروس لجميع المسحات التي تم أخذها من المصابين داخل المملكة.

الاستفادة من بيانات هذه الجينومات في الكشف عن السلالات المتاحة من الفيروس؛ لأن هذا من شأنه تسهيل الكشف عن السلالات عنيفة العدوى من غيرها.

الاستثمار في إنتاج لقاح واسع الفاعلية طويل الأمد.

استمرار التدابير الاحترازية، إلى أن تتسع دائرة التحصين بما يتماشى مع جاهزية المرافق الصحية.

المصادر والمراجع

المراجع العربية

إيسرن، ج.، ديشباندي، ر.، فان دورن، ج. (2005). إعداد إستراتيجية لتحويل الأموال: الإرشادات

المراجع الأجنبية

Amer, S.A.M. (2021). Variants Within over a Hundred Complete COVID-19 Genomes and the Impact on Health Security. Amer J Biochem & Biotechnol. 27(1): 16-27.

Chan, J. F. W., Kok, K. H., Zhu, Z., Chu, H., To, K. K. W., Yuan, S., & Yuen, K. Y. (2020). Genomic characterization of the 2019 novel human pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. Emerg Microb & Infect, 9(1), 221-236.

Swofford, D. L. (2002). PAUP: phylogenetic analysis using parsimony, version 4.0 b10.

Received 1 Jan. 2021; Accepted 15 Feb. 2021; Available Online 31 Mar. 2021.

Production and hosting by NAUSS

* Corresponding Author: Sayed Amer
Email: samer@nauss.edu.sa

doi: 10.26735/JOVJ6549