

ژن و سلاح‌های بیولوژیکی آینده، ضرورت اقدام پیشگیرانه توسط جامعه زیستی پزشکی

وحیده غیبشایو، Ph.D.، مسعود غفاری، Ph.D.

آدرس مترجمان: دانشگاه صنعتی مالک اشتر - مرکز تحقیقات علوم و فن آوری زیستی - گروه پژوهشی رادیوبیولوژی - تهران - ایران

خلاصه

جوامع علمی امنیتی بطور فزاینده‌ای متفق‌القول‌اند که انقلاب رخ داده در دانش زیست‌شناسی از توان بالقوه‌ای برای سوء استفاده جهت برنامه‌های تسلیحات بیولوژیک برخوردار است. تراژدی ۱۱ سپتامبر نیز نشان داده است که نمی‌توان در مورد امکان تروریسم بیولوژیک بی‌تفاوت بود. در این مقاله نگرش‌های اصلی مطرح شده در پژوهش‌های ژنتیک و چگونگی امکان سوء استفاده از ظرفیت‌های آن در طرح سلاح‌های زیستی جدید عنوان گردیده است. جنگ‌های بیولوژیکی غالباً داستانی علمی تخیلی و غیر اخلاقی و دور از تصور تلقی می‌شده‌اند و حوادث ۱۱ سپتامبر سال ۲۰۰۱ در ایالات متحده آمریکا نشان داد که چنین نیست و کشتار جمعی غیر نظامیان امری محال نیست، لذا باید به سلاح‌های کشتار جمعی و مسائل مربوط به تکثیر جنگ افزارهای بیولوژیک، شیمیایی و هسته‌ای باز نگری نمود. در این میان سلاح‌های بیولوژیک از خطر عمده‌ای برخوردارند زیرا همانند سلاح‌های هسته‌ای مرگ‌آور می‌باشند و آسان بدست می‌آیند. یک حمله کورکورانه با سلاح‌های بیولوژیک از طرح و اجرای حمله به مرکز تجارت جهانی آسانتر است.

رئیس جمهور ایالات متحده نیز پیشتر در حین سخنرانی در آلبا قبل از سفر خود به اروپا در ژوئن ۲۰۰۱ نیز این نکته را عنوان نموده و یادآور شده بود که کنترل و محدود کردن سلاح‌های بیولوژیک را یک رژیم بین‌المللی کنترل کننده ضعیفی برعهده دارد، همچنین اظهار داشت که ایالات متحده و هم‌پیمانانش باید برای مقابله با تهدیدات واقعی قرن بیست و یکم که جنگ‌افزارهای بیولوژیک و اطلاعاتی هستند از توان مقابله کافی بهره‌مند باشند. به نظر می‌رسد، این گفته منعکس‌کننده توجه فزاینده مجامع علمی و امنیتی در خصوص این مطلب است که تحول ایجاد شده در علوم زیستی می‌تواند، برنامه تولید سلاح‌های تهاجمی بیولوژیک بر علیه انسان، گیاهان و احشام مورد سوء استفاده قرار بگیرد. در سال ۱۹۷۵ کنوانسیون سلاح‌های بیولوژیک و سمی هرگونه استفاده سوء از زیست‌شناسی را ممنوع اعلام کرده است و براساس بند یک آن:

تمامی دولت‌های عضو متعهد می‌گردند که تحت هیچ شرایطی نسبت به تولید یا نگهداری عوامل میکروبی یا سایر عوامل بیولوژیک یا سمومی که منشا تولید آنها بیولوژیک می‌باشد و از نظر نوع و کمیت دارای توجیهی نظیر پیشگیری، حفاظت و یا دیگر مقاصد صلح‌آمیز است، تولید ننمایند. این ممنوعیت در حال حاضر توسط ۱۴۰ کشور جهان پذیرفته شده است و در گذشته و حال اعمال گردیده و در آینده نیز اعمال خواهد شد. گرچه مساله‌ای که در مورد این کنوانسیون وجود دارد مساله ممنوعیت‌های گفته شده نیست بلکه مشکل اجرای این ممنوعیت‌ها، دسترسی به روش‌های ممیزی و ارزیابی موارد توافقی است. با این حال، بر اساس مذاکرات انجام شده در سال‌های دهه هفتاد میلادی و در طی دوران جنگ سرد ساز و کاری برای این امر در نظر گرفته شد که در فواصل زمانی ۵ ساله قابل بررسی مجدد بود. این ساز و کار به کشورهای عضو این امکان را می‌داد که نسبت به گسترش توانمندی خود از کاربرد فن‌آوری‌های با کاربرد دو گانه (غیر نظامی - نظامی) منع شوند زیرا این عوامل می‌توانند بطور بالقوه مورد سوء استفاده قرار بگیرند و به همین منظور ممنوع اعلام گردیده‌اند.

زمینه تاریخی

اگرچه این نکته را جامعه متخصصین علوم زیستی و پزشکی بطور گسترده نپذیرفته است اما مستندات تاریخی به وضوح نشان می‌دهند که کشورهای بزرگی نظیر آلمان، فرانسه، ژاپن، بریتانیای کبیر، ایالات متحده، اتحاد جماهیر شوروی و عراق در قرن بیستم دارای برنامه تولید سلاح‌های بیولوژیک بوده‌اند. این برنامه‌ها را می‌توان به سه نسل تقسیم کرد:

- ۱- برنامه‌های نسبتاً غیر علمی به مورد اجرا گذاشته شده در جنگ اول جهانی و فاصله زمانی بین دو جنگ جهانی
 - ۲- برنامه‌های مؤثر اجرا شده در طی جنگ دوم جهانی و پس از آن
 - ۳- برنامه‌های به اجرا گذاشته شده هنگام پایان جنگ سرد که طی آن اتحاد جماهیر شوروی استفاده از روش‌های جدید مهندسی ژنتیک را در تولید این سلاح‌ها آغاز کرد.
- این تاریخچه مختصر نشان داد که اگر این روند متوقف نشود ما با نسل چهارم برنامه‌ها مواجه خواهیم بود و در قرن جدید با کاربرد فزاینده دانش بدست آمده در عرصه انقلاب ژنومی برای تولید سلاح‌های بیولوژیک روبرو خواهیم شد.

اشکال جدید جنگ افزارهای بیولوژیک

به نظر میکروبیولوژیست‌هایی که به کاربردهای احتمالی فن‌آوری موجود در برنامه تولید سلاح‌های بیولوژیک تهاجمی به دقت توجه دارند، این اعتقاد وجود دارد که در حال حاضر در بین راه‌های ممکن می‌توان به افزایش مقاومت عوامل بیولوژیک در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها، تغییر خواص آنتی‌ژنیک آنها و انتقال خواص پاتوژنیک این عوامل پرداخت.

ایجاد این تغییرات و دستکاری‌ها در عوامل بیولوژیک جنگی شناسایی، تشخیص و درمان آنها را دشوارتر می‌سازد. می‌توان در کوتاه مدت این عوامل را از نظر نظامی مؤثرتر نمود، و آنها را در برنامه‌های تهاجمی بهتر بکار برد. اما سوال اینست که آیا باید به نسل سوم سلاح‌های بیولوژیک فرصت توسعه داد؟ برای برنامه‌های مربوط به نسل چهارم چه باید کرد؟

در یکی از کتاب‌های سال ۱۹۹۷ این عنوان آمده: تهدیدات و پاسخ‌ها (Proliferation: Threat and Response) در این کتاب که توسط وزارت دفاع ایالات متحده منتشر شده است با بیان برخی نگرش‌ها که از نظر توسعه سلاح‌های بیولوژیک در آینده حائز اهمیت هستند به افزایش کاربرد ناقلینی که از طریق مهندسی ژنتیک تغییر یافته‌اند و افزایش و رشد بینش ما از ساز و کارهای بیماری‌های عفونی و دفاع سیستم ایمنی بدن اشاره شده است.

آقای R.A. Zilinskas با ارائه خلاصه‌ای از مقالات دارای اطلاعات مفید اظهار نموده است که زمان لازم برای بکارگیری فن‌آوری‌های زیستی جدید در زمینه سلاح‌های بیولوژیک توسط دولت‌هایی که دست به تکثیر این سلاح‌ها می‌زنند و یا گروه‌های درون ملی (subnational) در حدود ۵ سال خواهد بود. بنظر وی پس از طی این دوره پیشرفت‌های زیادی در زمینه بهبود کاربرد عوامل میکروبی و احتمالاً هدف گیری بهتر گروه‌های ویژه نژادی بدست خواهد آمد و همچنین او معتقد است که شانس زیادی برای شناسایی همزمان و به موقع این عوامل بیماریزا قبل از توسعه آنها در آینده قابل پیش بینی نیست.

Steven Block از بخش بیولوژی مولکولی دانشگاه پرینستون با ارائه گزارشی از مطالعات خود تحت عنوان تهدیدات بیولوژیک حاصل از زیست شناسی مولکولی که توسط گروه علمی Janson در اواخر دهه ۹۰ میلادی به انجام رسیده، می‌نویسد: بدون تردید توسعه علوم زیستی و پزشکی دارای جنبه تاریک و منفی می‌باشد و تقویت و تولید رده جدیدی از سلاح‌های کشتار جمعی (WMD) یعنی عوامل بیماریزای تغییر شکل یافته توسط مهندسی ژنتیک را به دنبال دارد. همچنین به نظر این گروه خطر جدی در خصوص توسعه این سلاح‌ها وجود دارد و این سلاح‌ها چالش‌های گسترده‌ای را برای شناسایی و درمان بدنبال خواهد داشت. این گروه بجای آنکه یک گونه‌شناسی در برگیرنده تمامی ابعاد را ارائه نماید به بررسی طیفی از انواع موارد محتمل پرداخت که برخی از آنها را می‌توان مربوط به سلاح‌های نسل سوم دانست و دیگر موارد ارائه شده از سوی آنان را می‌توان در قالب سلاح‌های نسل چهارم امکان پذیر دانست که ممکن است در آینده با آنها مواجه گردیم. از جمله مطالب قابل ذکر توسط این گروه، ویروس‌های مخفی هستند که می‌توانند وارد ژنوم یک جمعیت شده و سپس با دریافت یک علامت فعال گردند. از دیگر نکات اشاره شده بیماری‌های موسوم به بیماری‌های طراح هستند که قادرند از راه‌های مختلف باعث القای آپوپتوز شوند. توانایی بر چسب زدن به ژنوم یک جمعیت خاص و حمله به آن با ایجاد یک عامل بیماری‌زای کاملاً جدید نیز بی شک از جمله مواردی هستند که نمایانگر تغییری اساسی در توانایی‌های موجود برای تولید سلاح‌های بیولوژیک می‌باشند.

به تازگی یک گروه علمی با اعلام بررسی‌های خود تحت عنوان پیشرفت‌های اخیر در علوم و فن‌آوری‌های جدید مربوط به کنوانسیون سلاح‌های بیولوژیک و سمی که در کارگاه آموزشی مطالعات پیشرفته سازمان ناتو ارائه گردید به مواردی از مسائل آینده این سلاح‌ها اشاره کردند و این گروه دست آوردهای حاصل از پیشرفت در زمینه فن‌آوری تلقیح گیاهان و کنترل زیستی آفات

و احتمال سوءاستفاده از بانک‌های اطلاعاتی بزرگ حاوی اطلاعات ژنتیکی مربوط به جمعیت‌های خاص و اثر ژنومیک را با توجه به فهم ما از گیرنده‌های مربوط به تنظیم‌کننده‌های زیستی (Bioregulator) و مولکول‌های علامت‌دهنده مشابه و افزایش توان بالقوه دستکاری سیستم ایمنی را بررسی نمودند.

موضوع دستکاری سیستم ایمنی امری است که با ایجاد اتفاقی یک ویروس کشنده آبله موشی که در طی انجام یک تحقیق کاملاً قانونی در استرالیا بوقوع پیوست، به نحو بارزی نمود یافت. و موضوع تعجب برانگیز دیگر آنکه، مشخص گردید سازوکار مشترکی (R Nai) برای خاموش کردن هر ژنی در موجود زنده وجود دارد و این سازوکار به زودی معلوم خواهد شد. تمامی این مثال‌ها خطری چند جانبه را گوشزد می‌نمایند که در آینده نه چندان دور تهدیدی واقعی محسوب خواهند شد. اما سؤال این اینست که این برآورد تا چه حد واقع‌گرایانه است؟ سیاست‌های مهم تحقیق و توسعه در زمینه ژنتیک چه هستند و آیا این امکان وجود دارد که هر یک از این روش‌های جدید و درحال توسعه براحتی در تولید سلاح‌های بیولوژیک بکار روند؟ و برعکس آیا انقلاب ژنتیک می‌تواند به منظور بهبود ابزارهای شناسایی، حفاظت و درمان در برابر عوامل بیولوژیک بکار رود و عدم کاربرد سلاح‌های فوق را تضمین نماید؟

نگرش‌های عمده موجود در انقلاب ژنتیک

در یکی از سر مقاله‌های مربوط به سال ۱۹۹۵ مجله Nature و بدنبال انتشار دومین سکانس کامل ژنوم میکروبی Barry Bloom که در حال حاضر رئیس دانشکده بهداشت عمومی هاروارد مشغول بکار است، نوشته شده بود: توان و مقرون به صرفه بودن فن آوری جدید تعیین توالی ژنوم به حدی است که طی پنج سال آینده توالی کامل ژنوم ۲۵ عامل بیماری‌زای باکتریایی و انگلی را بدست می‌آورد.

و با صرف هزینه‌ای بالغ بر یکصد میلیون دلار می‌توان توالی هر عامل بیماری‌زا، پروتئین آنتی ژنی و گیرنده هدف هر دارویی را خریداری نمود. با یک بار سرمایه‌گذاری در مورد هر عامل بیماری‌زا می‌توان اطلاعاتی را بدست آورد که همواره و برای همه دانشمندان قابل دسترسی باشد. بدین ترتیب ما می‌توانیم به زیست‌شناسی میکروبی‌ها در عصر پس از ژنوم (Post- Genomic) بیاندیشیم. ما درواقع به این هدف دست یافته‌ایم و تلاش‌های صورت گرفته در آزمایشگاه‌های سراسر دنیا توالی کامل ژنوم ۷۰ گونه مهم از باکتری‌ها، قارچ‌ها، انگل‌های بیماری‌زای انسانی، حیوانی و گیاهی در یک یا دو سال آینده را فراهم خواهند نمود.

این سیل عظیم اطلاعات مربوط به توالی DNA که تقریباً معادل ۲۵۰ هزار توالی رمز شونده است، در زمینه تحقیقات در بیماری‌های عفونی و ژنتیک مقایسه‌ای، انفجاری عظیم محسوب می‌شود، و پیش‌بینی نویدبخش، ایجاد نگرش‌های جدیدی در زیست‌شناسی عوامل بیماری‌زا بوده که در طراحی تشخیص و ترکیبات درمانی ضد میکروبی و واکسن‌های جدید نقش داشته است. با توجه به سهولت دسترسی به اطلاعات مربوط به توالی DNA و پروتئین‌های عوامل بیماری‌زای طبیعی و همزمان پیشرفت‌های ایجاد شده در فن آوری‌های ترانس ژنیک و ترانسفورماسیون (تبدیل ژنی) امکان توسعه سلاح‌های تولید شده از طریق مهندسی ژنتیک را برای مقاصد زیان آور تسهیل نموده است. در سال ۱۹۹۶ در چهارمین کنفرانس بررسی کنوانسیون منع توسعه، تولید و ذخیره سازی سلاح‌های بیولوژیک و سمی کلیه کشورهای عضو با تاکید بر ضرورت انهدام این سلاح‌ها در بیانیه نهایی اظهار داشتند: کنفرانس با آگاهی از نگرانی‌های حاصل از پیشرفت‌های جاری در علوم و فن آوری در زمینه‌های میکروبیولوژی، فن آوری زیستی، زیست‌شناسی مولکولی، مهندسی ژنتیک و هر یک از کاربردهای حاصل از مطالعات انجام شده در باره ژنوم و احتمال استفاده از آنها برای اهداف غیر منطبق با مقاصد و نگرش‌های خود مجدداً تاکید می‌نماید که تعهدات مندرج در بند یک که برای اعضا در نظر گرفته شده است.

تکثیر سلاح‌های بیولوژیک برای کشوری که قصد تولید سلاح‌های کشتار جمعی را دارد دارای چندین مزیت مهم می‌باشد:

- ۱- ساخت آنها آسان است
- ۲- مواد اولیه لازم برای آنها مانند سویه‌های باکتری و ویروسی و پلاسمید را می‌توان براحتی از متخصصینی که با آنها سرو کار دارند و یا بانک‌های نگهداری آنها تهیه کرد.
- ۳- بانک‌های اطلاعاتی در حال افزایش ژنوم میکروبی، فهرستی از تمامی ژن‌های بالقوه‌ای را که در بیماری‌زایی، ویرولا‌نس، چسبندگی و کلون کردن سلول‌های میزبان دخیل هستند و یا برای جلوگیری از پاسخ ایمنی و مقاومت در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها لازم هستند، تهیه نموده تا امکان انتخاب ترکیبی از کشنده‌ترین آنها را فراهم سازد.

تلاش‌های در حال انجام روی عملکرد ژن‌ها (فانکشنال) با استفاده از آرایه‌هایی مولکول‌های DNA و آنالیز پروتئومی در زیرمجموعه‌ای از ژن‌ها که در ژنوم هر عامل بیماری‌زا برای ایجاد عفونت لازم می‌باشد و در ایجاد ویرولا‌نس یا مقاومت در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها نقش دارند، آغاز شده است. ممکن است گفته شود که این امر سوء استفاده بالقوه از داده‌های ژنومیک از طریق

واکسنی که بعنوان عامل ایجاد ایمنی در برابر این پاتوژن می‌باشد، بکار گرفته شد. راهبرد هدف‌گیری آنتی ژن کربوهیدرات بزرگ پلی ساکارید کپسول باکتری به شکل واکسن برای دیگر سروتیپ‌های *Neisseria Meningitidis* از طریق (Men B) امکان پذیر نبوده است زیرا آنتی ژن اصلی این سلول‌ها اسید سالسیلیک است و این اسید در انسان نیز یک کربوهیدرات اصلی سطح سلول محسوب می‌گردد.

در طی مدتی که برای تکمیل اجرای این پروژه تعیین توالی ژنوم (Men B) که در حدود یکسال بود، صرف شد از طریق دانش بیوانفورماتیک تلاش‌هایی در این زمینه به منظور شناسایی تمامی آنتی ژن‌های سطحی بالقوه بطور توأم یا روش‌های در مقیاس گسترده به عمل آمد. از ۵۷۰ نامزد احتمالی تولید واکسن ۷ مورد بدین منظور انتخاب شد.

در مطالعه جدیدتری که توسط شرکت Med Immune به انجام رسیده است از راهبردی مشابه برای کاوش در اطلاعات ژنوم مربوط به *S. Pneumoniae* استفاده شد و ۶ هدف تولید واکسن‌های جدید شناسایی گردید. در آزمایشگاه‌های سراسر دنیا تلاش‌هایی در حال انجام است تا بتوان به اپی توپ‌های جدیدی از سلول‌های T بر علیه عوامل بیماری‌زایی که ایمنی با واسطه سلولی در آنها مؤثرتر است، دست یافت.

هر چند تا کنون این نگرش در تولید واکسن‌های جدید به اندازه آنچه که در تولید واکسن‌هایی که سیستم ایمنی هومورال را تحریک می‌نماید، موفقیت‌آمیز نبوده است اما به هر حال شناسایی تمامی آنتی ژن‌های بالقوه که حاصل تعیین توالی ژنوم بوده است بسیار ارزشمند است.

زمینه‌سومی که در آن پیشرفت‌های حاصل از ژنتیک میکروبی بسیار نوید بخش بوده طراحی ترکیبات ضد میکروبی جدید بوده است.

آنتی بیوتیک‌های موجود فعلی سه روند سلولی باکتری‌ها را مورد هدف قرار می‌دهند که عبارتند از: سنتز DNA، سنتز پروتئین و سنتزدیواره سلولی، دلیل آنکه این سه روند اهداف مناسبی برای ترکیبات ضد میکروبی محسوب می‌شوند آن است که هر سه از پروسه‌های حیاتی و ضروری سلول می‌باشند. بدین ترتیب می‌توان گفت هر نوع پروتئین ضروری و مورد نیاز برای بقای سلول می‌تواند هدف رده جدیدی از آنتی بیوتیک‌ها بشمار آید.

روش‌هایی مانند جهش‌زایی در ترانسپوزون و فن آوری بیان در شرایط *Invivo* (IVET) امکان غربالگری پروتئین‌های ضروری را در شرایط *Invitro* و *Invivo* در مقیاس وسیع فراهم می‌سازد هر چند که ممکن است در مواردی کارکرد این پروتئین

شناسایی شایعترین ژن‌های موجود در کلکسیون عوامل بیماری‌زا را تشدید می‌نماید.

علاوه بر آن شرکت‌های متعددی نظیر Maxygen در شهر Redwood کالیفرنیا در حال بسط فن آوری‌هایی هستند که تکامل هدفدار مولکولی را در پی دارد. در این فن آوری‌ها ژن‌ها به قطعات کوچکتتری تقسیم شده و دوباره بهم متصل شده و ژن‌های دختری را با خواص جدید ایجاد می‌نمایند.

تخمین زده می‌شود که این پروسه می‌تواند آنچه را که ما از طریق نوترکیبی کلاسیک بدست می‌آوریم حداقل تا ۲۰ مرتبه تسریع نماید.

هر چند شرکت Maxygen از این روش برای بهبود ویژگی‌های پروتئین‌های مورد نظر بیوتکنولوژی صنعتی استفاده می‌کند اما استفاده از آن در تولید جنگ افزارهای بیولوژیک عواقب جدی را بدنبال خواهد داشت. خوشبختانه پیشرفت‌هایی که در عرصه ژنتیک باکتریایی می‌توانند برای تولید سلاح‌های بیولوژیک بکار روند قادر به پیش بینی تمهیداتی برای مقابله با آنها نیز می‌باشد. یکی از مهمترین تمهیدات ایجاد روش‌های سریع شناسایی عوامل بیولوژیک بدون در نظر گرفتن آنکه آیا از طریق مهندسی ژنتیک دچار تغییر شده اند یا خیر می‌باشد.

کاربرد دو رگ گیری مقایسه‌ای ژنوم با استفاده از آرایه‌های مولکول‌های DNA برای شناسایی اختلاف نژادی مربوط به ویروانس و آنتی ژنیسیته باکتری هلیکو باکتر پیلوری (*H. pylori*) و استرپتوکوکوس پنومونیا (*S. pneumoniae*) قبلا به اثبات رسیده است و ساخت یک تراشه DNA که دارای تمامی سکانس‌های رمزکننده مورد انتظار برای چندین عامل بیماری‌زای عمده انسانی، حیوانی و گیاهی بعنوان اولین گام در جهت فن آوری‌های نوین آشکارسازی عوامل بیماری‌زا باشد، نا معقول به نظر نمی‌رسد. آنچه که این آشکارساز نشان خواهد داد اطلاعاتی در مورد کمپلمان کامل هر عامل جنگی بیولوژیک است حتی اگر دارای ژن‌ها یا پلاسمیدهایی از دیگر گونه‌ها باشد و یا دارای ویروانس غیر معمول و مقاومت زیاد در برابر آنتی بیوتیک‌ها باشد و یا آنکه ارگانسمی سنتز شده از ژن‌های ترکیبی باشد. توانایی شناسایی سریع و مشخص نمودن توان بالقوه یک عامل بیولوژیک با یک آزمون، تاخیر ذاتی در روش‌های کنونی شناسایی این عوامل را تا حد زیادی می‌کاهد. ایجاد واکسن‌های جدید، زمینه دیگری در جهت بهره مند شدن از مزایای مربوط به اطلاعات توالی ژنوم عوامل بیماری‌زا بوده است.

بر اساس مطالعه‌ای که در نشریه Science سال ۲۰۰۰ به چاپ رسید، اطلاعات توالی ژنوم سروتیپ B باکتری *Neisseria meningitidis* (Men B) تعیین و برای اولین بار داوطلب جدید

بین جمعیت‌ها است. شایعترین مسئله‌ای که در محدودیت تنوع ژنومی باید در نظر گرفته شود، محصولات مواد خام و حیوانات مورد استفاده در کشاورزی است که می‌توانند به عنوان هدف مورد آسیب حملات بیولوژیک باشند.

نتیجه‌گیری

انقلاب ژنتیک نوید بخش پیشرفت در زیست‌شناسی پایه، پزشکی و کشاورزی است و با کمال تأسف امروزه خطر سلاح‌های بیولوژیک و تروریسم هر چند ناچیز است اما واقعیت دارد و انقلاب ژنتیک دارای آنقدر توان بالقوه است که بتواند بر این هولناکترین تهدید قرن ۲۱ اثرات وسیعی داشته باشد.

برای حصول اطمینان از بکارگیری توان بالقوه ژنتیک در جهت مثبت، زیست‌شناسان باید برای نشان دادن مخالفت و نارضایتی شان از جنگ افزارهای بیولوژیک و فعالیت‌های تروریستی دلائل قانع کننده آنها را توضیح دهند. با احتمال شکست تلاش‌های ده سال گذشته به منظور تقویت کنوانسیون سلاح‌های بیولوژیک و سمی با پروتکل مورد تأیید آن، مسئولیت جامعه متخصصین علوم زیستی و پزشکی در سراسر جهان بیشتر خواهد شد و آن احتراز از بیش از سه دهه غفلت از موضوع محوری پیشگیری از تولید جنگ افزارهای بیولوژیک و تروریسم است. ما باید به این دیدگاه برسیم که معاهده (کنوانسیون) امری است که ما در قبال حفظ آن وظیفه ویژه‌ای را بر عهده داریم و ما بجای کار در زمینه‌ها و فعالیت‌های جاری و خوش بینانه ترجهت توسعه نیازمند سرمایه گذاری بر روی آندسته از برنامه‌های پژوهشی هستیم که پاسخگوی مسائلی نظیر تهدید سلاح‌های بیولوژیک باشد.

مشکلات مربوط به شناسایی، حفاظت و درمان را نباید دست کم گرفت و نباید تصور نمود که این جنبه از مساله که سیاست پاسخ کلی در برابر مشکل است، قابل اصلاح نمی‌باشد.

بطور خلاصه جامعه زیستی پزشکی باید در جهت ایجاد ناخرسندی از این سلاح‌ها در سطح جهان نقش خود را به خوبی ایفا نماید و بتواند جنگ افزارهای بیولوژیک و تروریسم را ناکام ساخته و آن را بعنوان یک عمل غیر اخلاقی معرفی نماید و حداقل آنکه بپذیریم حوادث ۱۱ سپتامبر می‌تواند حتی به دلیل سوء استفاده از علم و فناوری که ما آنها را در جهت مقاصد صلح آمیز ایجاد کرده‌ایم در مقیاس گسترده‌تری نیز تکرار گردد.

در سلول نامشخص باشد اما هدف‌های جدیدی که از طریق برنامه‌های غربالگری شناسایی می‌شوند را می‌توان در آزمایشات غربالگری که با استفاده از کتابخانه‌های ترکیبی شیمی صورت می‌گیرد، بکار برد و مولکول‌های بالقوه و با وزن مولکولی کوچکی را که عملکرد پروتئین‌ها را مهار می‌نماید را شناسایی کرد. این نگرش امکان استفاده کامل از اطلاعات موجود در بانک‌های اطلاعاتی ژنوم را به منظور ساختن یک سیستم آزمون برای شناسایی اهداف جدید را فراهم می‌نماید.

با کامل شدن توالی ژنوم انسانی، نقطه شروع جدیدی برای درک بهتر روند بیماری‌های عفونی فراهم شده است و این می‌تواند توان بالقوه‌ای برای مقابله با سلاح‌های بیولوژیک محسوب گردد. با بهره‌گیری از آرایه‌های DNA و نگرش پروتئومی، تجزیه و تحلیل حوادث ژن‌های آشکاری که بدن‌بال آلودگی با یک عامل بیماریزا (یا برداشت یک مولکول سمی یا تعدیل کننده ایمنی) در سلول انسان رخ می‌دهد و همچنین مجموعه رویدادهایی که در عامل بیماریزا بوقوع می‌پیوندد، امکان پذیر می‌باشد.

عملکرد ژن‌ها با فرض نا شناخته بودن عملکرد حداقل نیمی از ژن‌های عوامل بیماریزای انسانی در حال حاضر، داده‌های حاصل از مطالعات در طی چند سال آینده پروتئین‌های جدید و مسیرهایی را که در این فرآیندها طی خواهند شد را آشکار می‌نماید. این داده‌ها فعالیت‌های در حال اجرای مربوط به طراحی واکسن‌ها و ترکیبات ضد میکروبی جدید را از راه‌هایی که شاید حتی ما قادر به تصور آن نباشیم، تکمیل خواهند کرد.

عقیده براین است که تکمیل شدن توالی ژنوم انسانی، ایجاد جنگ افزارهای بیولوژیک بر علیه نژادهای خاص یا یکایک افراد را آسانتر خواهند نمود. هرچند این امر غیر متحمل نیست اما بنا به دلائلی احتمال استفاده از آن بعید بنظر می‌رسد. اگر چه قابلیت استعداد ژنتیکی به بیماری‌های عفونی امر شناخته شده‌ای است اما این دیدگاه (Reductionist) که رمز ژنتیکی انسان تنها عامل تعیین کننده استعداد به بیماری‌ها است قابل قبول نمی‌باشد.

آنالیز سکانس‌های ژنوم انسانی موفق به نشان دادن پلی مورفیسیم محدودی بوده است. در حقیقت تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های انسانی در مقایسه با سایر گونه‌ها بسیار کمتر است که این نکته خود تأییدی بر جدید بودن اندازه جمعیت اجدادی بشر است.

مطالعات جدیدی که در مورد پلی مورفیسیم در DNA میتوکندریایی، کروموزوم Y و اتوزومی صورت گرفته، نشان می‌دهد که بیشتر تفاوت‌های ژنتیکی در درون جمعیت‌ها و نه در

References

1. Barrett Farm. 2001. The white house Remarks by the President in Tax Celebration Event. Dallas Center, Iowa.
2. British Medical Association, Biotechnology, Weapons and Humanity. Harwood Academic London.
3. Dando MR. 1999. Defense Analysis. 15: 43- 62.
4. Nidorf K, Brauburger J. and Hahlbohm D. 2000. The biotechnology revolution: the science and application. in Verification of the biological and Toxin Weapons Convention NATO ASI Series, I. Disarmament Technologies Vol.32.
5. Nowak R. 2000. Disaster in the making: an engineered mouse virus leaves us one step away from the ultimate bioweapon. New scientist. PP. 4- 5.
6. Jacson RJ. et al. 2001. Expression of mouse interleukin-4 by a recombinet ectromelia virus suppresses cytolytic lymphocyte response and overcoms genetic resistance to muosepox. JVirol. 75: 1205.
7. Kuwabara. PE and Coulson A. 2000. Prospects for a general technique for determining gene function. Parasitology today 16: 347- 349.
8. Bloom BR. 1996. Genome sequences.A microbial minimalist. Nature. 378:236.
9. Unaited Nations. 1996. Final decleration.Fourth Review Conference of the Parties to the convention on the prohibition of the Development, Production and Stockpiling of Bactriological(Biological) and Toxin Weapons and on their Destruction. BNC/CONF.IV/9, Geneva.
10. Nizhikov V, Rasooly A, Chumakov K. and Levy DD. 2001. Microarray analysis of microbial virulence factors. APPL Environ Microbial. 67: 3258- 3563.
11. Derisi J. et al. 2000. Genome microarray analysis of transcriptional activation in multi drug resistant yeast mutants. FBES lett. 470: 156- 160.
12. Kolkman JA and Stremmer WP. 2000. Directed evolution of proteins by exon shuffling. Nature Biotechnol.19: 423- 428.
13. Salama N. et al. 2000. A Whole- genome microarray reveals genetic diversity among Helicobactor pylori strains. Proc Natl Acad Sci USA. 97:14668- 14673.
14. Tettelin H. et al. 2001. Acomplete genome sequence of virulent isolate of Sterptococcus Pneumoniae.Science. 293. 498- 506.
15. Pizza M. et al. 2000. Identification of vaccine candidates against serogroup B meningococcus by whole-genome sequencing. Science. 287: 1816- 1820.
16. Wizemann TM. et al. 2001. Use of a whole genome approach to identify vaccine molecules affording protection against Streptococcus Pneumoniae infection. InfectI mmun. 69:1593-1598.
17. Schmid MB. 1998. Novel approaches to the discovery of antimicrobial agents. Curr Cpin Chem Biol. 2:529- 234.
18. Cummings CA. And Relman DA. 2000. Using DNA microarrays to study host- microbe interactions. Emerg Infect Dis.6: 513- 525.
19. Elader IJ, Mananger ID. And Boothroyd JC. 2001. Microarray analysis reveals previously unknown changes in Toxoplama gondii-infected human cells. J Biol Chem. 276:24223- 2423.
20. Hill AY. 1999. Genetics and genomics of infectious disease susceptibility. Br Med Bull. 55: 401- 413.
21. Thursz M. 2000. Genetic susceptibility in infectious diseases. Biotechnol Genet Engp. 17: 253- 264.
22. Marshal EDN. 1998. A studies challenge the meaning of race. Science. 262: 654- 655.
23. Li WH. and Sadler LA. 1991. Low nucleotide diversity in man. Genetics. 129:513- 523.
24. Lorde LB. et al. The distribution of human genetic diversity:a comparison of mitochondrial, autosomal, and Y-chromosome data. Am J Human Genet. 66: 979- 988.
25. Wheelis M. and Dando MR. 2000. New technology and future developments in biological warfare. Disarmament Forum. 4: 43- 50.
26. Fearson GS, Dando MR and Sims NA. 2000. The US Rejection of the composite protocol: A Huge Mistake Based on Illogical Assessments. Evaluation Paper No.22, Department of peace Studies, University of Bradford.
27. Sims NA. 2000. Four decades of missed opportunities to strengthen the BWC:2001 too? Disarmament Diplomacy. 15-21.