

Yapay Zekâyla Bir Sonraki SARS-CoV-2 Varyantının Tahmini

Dr. Özlem Ak [TÜBİTAK Bilim ve Teknik Dergisi

Delta, Omicron ve ardından Omicron alt alt varyantları BA.2.12.1. Halk sağlığı yetkilileri BA.4 ve BA.5 alt varyantlarını yakından izliyor. Peki, hangi varyantların daha çok sayıda vakaya neden olma ihtimalini ya da hangi varyantların popülasyonda yaygınlaşmayacağını bilmenin bir yolu var mı?



Bilim insanları, milyonlarca SARS-CoV-2 genomunu analiz eden PyR0 adlı bir makine öğrenme modeli geliştirdiler. Bu, hangi varyantların muhtemelen baskın olacağını ve COVID-19 vakalarında dalgalanmalara neden olacağını tahmin etmeyi mümkün kılıyor. Ayrıca araştırmacıların viral genomun hangi bölümlerinin mutasyona uğrama olasılığının daha düşük olduğunu belirlemesine de yardımcı olabilir ve gelecekteki varyantlara karşı çalışacak aşılar için doğru hedeflerin tespitini sağlayabilir. GISAID (Kuş Gribi Verilerini Paylaşma Küresel Girişimi) veri tabanından altı milyondan fazla SARS-CoV-2 genomu kullanılarak eğitilen yapay zekâ aracı, genetik mutasyonların bir virüsün belirli bir ortamda çoğalma yeteneği üzerindeki etkisini tahmin edebilecek. Ocak 2022'den elde edilen viral genomik veriler üzerinde test edildiğinde, Mart 2022'de birçok ülkede baskın hâle gelen BA.2 varyantının yükselişini öngördü. PyR0, Dünya Sağlık Örgütü'nün endişe verici bir değişken olarak listelemesinden bir ay önce, 2020 Kasım ayının sonlarında alfa varyantını (B.1.1.7) tanımlamış olabilirdi.

Broad Enstitü üyesi ve Sistem Biyolojisi Merkezinde profesör olan Pardis Sabeti, tüm verilere bakan ve bunları tek bir tahminde birleştiren bu tür makine öğrenmesi tabanlı

yaklaşımların son derece değerli olduğunu söylüyor. Pyro adlı bir makine öğrenmesi çerçevesine dayanan PyR0, orijinal olarak Uber AI Labs'daki bir ekip tarafından geliştirildi. PyR0, halka açık SARS-CoV-2 verilerinin tümünü, yani milyonlarca genomu yaklaşık bir saat içinde analiz edebiliyor. Benzer dizileri, ortak mutasyonlarına göre genom "kümeleri" olarak tanımlayarak gruplandırıyor. Daha sonra model, hangi mutasyonların daha yaygın hâle geldiğini belirliyor ve her bir mutasyonun virüsün yayılmasına ne kadar hızlı neden olabileceğini tahmin ediyor. Ayrıca, genetik yapılarına bağlı olarak farklı varyantlara ait vaka sayılarının ne kadar hızlı artacağını da tahmin ediyor.

Model, belirli varyantların belirli bir ortamda çoğalması için hangi mutasyonların önemli olduğunu belirleyerek COVID-19'un nasıl yayılıp geliştiğine dair biyolojik bilgiler de sunuyor. Örneğin, kritik mutasyonları bilmek, bilim insanlarının yeni varyantların daha bulaşıcı olup olmayacağını veya nötralize edici antikorlardan kaçınıp kaçınmayacağını tahmin etmelerine yardımcı olabilir. Ayrıca hangi mutasyonların daha ayrıntılı olarak çalışılacağına karar vermelerini de sağlayabilir.

Broad Enstitüsünden Dr. Martin Jankowiak, SARS-CoV-2 genomunda

artık birçok mutasyon olduğunu, bu nedenle tüm mutasyon kombinasyonlarını sorgulamanın son derece zor bir hâl aldığını belirtiyor. Jankowiak'a göre, bu tür bir analizin avantajı, tüm genoma bütünsel olarak bakılmasını sağlaması, böylece daha az dikkat çeken mutasyonları veya varyantları tespit etme şansını artırması.

Çalışma, virüsün belirli bir ortamda çoğalma yeteneğindeki artışların, virüsün bağışıklık tepkilerinden kaçma yeteneğinden kaynaklandığını öne sürüyor. Araştırmacılar, bir varyantın sekansı ve özellikleri hakkında önceden uyarıda bulunan halk sağlığı görevlilerinin vaka sayılarını yönetmek için özel önlemler uygulayabileceğini de ekliyorlar. Hangi mutasyonların bir varyantın hayatta kalmasına katkıda bulunduğunun tespit edilmesi, araştırmacıların gelecekteki aşılar için daha iyi hedefler seçmesine yardımcı olabilir.

Bu veya benzeri modellerin yeni versiyonları, mutasyonlar arasındaki etkileşimleri hesaba katarak tahminleri daha da iyileştirebilir. Araştırmacılar, daha fazla çalışma ile modellerinin yeterli genetik veriye sahip diğer virüslerin izlenmesine yardımcı olabileceğini söylüyor. ■

Kaynaklar

Obermeyer, Eve ark., "Analysis of 6.4 million SARS-CoV-2 genomes identifies mutations associated with fitness", *Science*, Mayıs 2022.