

**“Genome Replikin Count™ Predicts Increased Lethality of Resistant Tuberculosis”**

“Genome Replikin Count förutser ökad dödlighet av resistent tuberkulos” är skriven av Bogoch, Samuel och Elenore, (2012. 04.14).

**Studiens frågeställningar:** 1- Är antalet replikin count i tuberkulos stammar påverkar infektivitet och dödlighet hos människan?  
2- Är procent antalet replikin påverkas av medicin mot tuberkulos stammar?

**Introduktion:** tuberculosis orsakar 3 miljoner dödsfall runt om i världen. Under senaste åren har man utvecklat flera läkemedel mot tuberkulos men har utmanats av två problem, det första är mutationer som omvandlats tuberkulos till flera typer av dödliga tuberkulos stammar och det andra är sambandet mellan tuberkulos och aids.

Enligt artikeln “Genome Replikin Count förutser ökad dödlighet av resistent tuberkulos” är skriven av Bogoch, Samuel och Elenore, (2012. 04.14) hittar forskare en Replikin som finns i glioblastom multiforme hjärncancer celler och det är genomiska strukturen som är relaterade till snabb replikationer och definierade av författarens algoritm 9 och det är peptider som innehåller 7- 50 aminosyror och två eller fler Lysiner som innehåller sex till tio aminosyror ifrån varandra ,minst en histidin och en Lysin koncentrationer på 6%. Replikins koncentrationer korrelerar kvantitativt och tidsmässigt med stam, specifika virusutbrott och geografiska plats.

**Metoder:** Enligt artikeln tillämpas forskare resultat som de hittar i andra virus, till exempel H1N1 för att upptäcka vad som händer med andra patogener, till exempel dödliga tuberculosis stammar.

Enligt artikeln använder de t-test metoder för att identifiera Replikin och räknas de sedan. Koncentration av Replikin peptider i varje genome sekvens räknas (Replikin counts) = antal replikiner per 100 aminosyror. För varje grupp av provers beräknar replikin och jämförar medelvärdet och

standardavviklingen för medelvärdet(SD). Forskare hittar mycket statistiskt signifikanta ökningarna och minskningarna, Detta beror på värde, substitution, månader, och år. Dessutom använder forskare andra sättet för att undersöka replikin gen, forskare använder Replikin gener in silico och identifierar de området i virusgenomet som har högsta koncentration av replikin. Forskare upptäcker att gen området regleras och när reglering är associerad med hög infektivitet kallas området med högt antal Replikin för **Replikin infektivitetgen** och när området med högt antal i en sekvens visar sig vara associerat med hög dödlighet kallas **Replikin Lethality genen**.

Den tredje metoden är att replikin peptider visualiserar på två sätt a) genom linjär visning b) röntgendiffraktion analys.

**Resultat och diskussion:** enligt artikeln hittar forskare att andelen av dessa tuberculosis populationer som innehåller Replikiner ökar i mer än 4% från 1.9% för sekvenser prover KZN 4207 (Fully drug sensitive)(DS) till 5.7 i prover KZN 1435(Multiple Drug Resistant) och i R506 (Extremely Drug Resistant) till 5.8 och i H37Ra (virulence) till 6.3 och i H37Rv(virulent) till 6.7, och i KZN 605(extremely Drug Resistant) till 12.7.

Enligt artikeln hittar forskare också att realtidsanalys av Replikin- genomets utveckling hos viruset H1N1 och H5N1 identifierade både mutationer och strukturell omorganisation av hemagglutinin och PB1- generna under flera år före varje utbrott. Denna information med de specifika replikin sekvenserna används för att hitta Replikin- vacciner vilket blockera Taura syndrome virus H5N1 i räcker. Denna information tillämpas nu för att hitta vacciner mot dödliga stammar av tuberculosis. Dessutom är det första gången som forskare hittar kvantitativa genomisk Replikin metod för både förutsäga initiala utbrott och förhindra spridning.

Dessutom har informationen lett till en hypotes att virus, bakterier och plasmodier är bara bärare av Replikin nitterna och snabb Replikin påverkas av biokemin samt är replikinerna är infektiösa enheter och det finns samband mellan replikinantal och sjuklighet och dödlighet hos olika värden inom Biologi.

**Synpunkter:** Jag tror att resultaten av studierna är riktiga och är statistiskt signifikanta och berör inte på slump. Det är viktig information som har diskuterats i artikeln. Jag hoppas att vi kan utveckla metoder som vi skulle

kunna förutsäga och stoppa flera epidemiska sjukdomar i framtiden. Samt utveckla flera mediciner så att vi kan leva i fred.