



[Title: कोविड-19 पर डेटा एकीकरण और गहन अध्ययन के लिए एक नया मंच](#)

[Ali Rahnavard CIC Database Profile](#)

[NSF Award #: 2028280](#)

[Youtube Recording with Slides](#)

[October 2020 CIC Webinar Information](#)

[Transcript Editor: Shikhar Johri](#)

प्रतिलिपि

स्लाइड 1

अवसर के लिए बहुत बहुत धन्यवाद. तो यह जॉर्ज वाशिंगटन विश्वविद्यालय के कम्प्यूटेशनल जीवविज्ञान संस्थान में एक सहयोग कार्य है।

स्लाइड 2

संक्षेप में, आप जानते हैं, मेरी प्रयोगशाला में हम जो करते हैं उसका फोकस है - उच्च थ्रूपुट प्रौद्योगिकियों के साथ, हम कई अलग-अलग ओमिक्स को माप सकते हैं। और हमारा लक्ष्य यह देखना है कि क्या हम इन विभिन्न ओमिक्स डेटा को एकीकृत करके एक बेहतर तस्वीर प्राप्त कर सकते हैं, जिसमें जीनोमिक्स, मेटाबोलोमिक्स, प्रोटीओमिक्स और वायरल जीनोम भी शामिल हैं।

स्लाइड 3

तो वास्तव में, उद्देश्य या एनएसएफ प्रस्ताव एक कम्प्यूटेशनल प्लेटफॉर्म विकसित करना था जिसमें निवेश के लिए विश्लेषणात्मक दृष्टिकोण के दो अलग-अलग सेट शामिल हों - विश्लेषणात्मक दृष्टिकोण और सीओवीआईडी -19 संबंधित ओमिक्स डेटा की जांच के लिए सॉफ्टवेयर।

स्लाइड 4

तो जैसा कि आपने पहले देखा, अलग-अलग, आप जानते हैं, प्रस्तुति में, इस महामारी का मुख्य स्रोत वायरस है, और हम वायरस के जीनोम पर एक संसाधन के रूप में ध्यान केंद्रित कर रहे हैं ताकि यह जांच

की जा सके कि वायरस कैसे व्यवहार करता है, और क्या विशिष्ट हैं वायरस के जीनोम में प्रोटीन या क्षेत्र जिन्हें हमें टीका विकास के लिए लक्षित करने की आवश्यकता है।

स्लाइड 5

तो जिस तरह से हम डेटा को देखते हैं वह अनुक्रमण डेटा का उपयोग कर रहा है, हमें महामारी में सभी संक्रमित, आप जानते हैं, व्यक्तियों में वायरस का जीनोम मिलता है। और हम जीनोम भिन्नता पर भी ध्यान केंद्रित करते हैं, जीनोम के विशिष्ट क्षेत्र पर, जिसमें प्रोटीन और गैर-संरचनात्मक प्रोटीन जैसे अन्य क्षेत्र शामिल हैं, जिस तरह से हम ऐसा करते हैं - हमें अपनी आबादी के सभी व्यक्तियों के लिए यह जीनोम अनुक्रम मिलता है, हम अन्य नमूनों की तुलना में इनमें से प्रत्येक नमूने में बताई गई भिन्नता की गणना करने का प्रयास करें, और हम मूल्यांकन करने और यह देखने का प्रयास करते हैं कि उन भिन्नताओं का क्या मतलब है।

स्लाइड 6

इसलिए यहां, मैं एक रोडमैप दिखा रहा हूँ कि हम कैसे गणना कर सकते हैं - हम विशिष्ट क्षेत्रों में जीनोम विविधताओं को कैसे देख सकते हैं। पहली पंक्ति में, आप जो देखते हैं वह जीनोम भिन्नता है, जीनोम के अन्य क्षेत्रों के साथ सहसंबंध है। और हम चार क्षेत्रों को देखते हैं, यहां पांच, कि वे विविधता से अत्यधिक सहसंबंध हैं कि उनके पास जीनोम है जो आबादी में व्याख्या करता है। और उनमें से दो क्षेत्र वास्तव में दिलचस्प हैं। उनमें से एक स्पाइक प्रोटीन क्षेत्र है, जो कि आप जो संख्या देखते हैं, 32.5, यह कहता है कि आबादी भर में वायरस के जीनोम में हम जो भिन्नता देखते हैं वह एस और पूरे जीनोम के बीच सहसंबंध है।

और हम एनएसपी के लिए तीन क्षेत्र भी देखते हैं। तो अन्य तीन क्षेत्र जिन्हें आप पीले रंग में देखते हैं, वे बड़े क्षेत्र हैं, और उनके उपसमूह हैं। इसीलिए हमने उन पर बहुत अधिक ध्यान केंद्रित नहीं किया, क्योंकि हमें उम्मीद थी कि जब आप जीनोम का एक बड़ा क्षेत्र लेते हैं, और आप यह देखने की कोशिश करते हैं कि यह पूरे जीनोम द्वारा ली गई जानकारी को कैसे वहन करता है, तो इसे अत्यधिक सहसंबंध होना चाहिए। तो हम यहां देखते हैं कि वायरस के जीनोम में विशिष्ट स्थान होते हैं, जैसे कि यह प्रोटीन स्पाइक प्रोटीन, हम पहले से ही जानते हैं कि यह वायरस को मानव कोशिकाओं में प्रवेश की सुविधा प्रदान करता है। यह गैर-संरचनात्मक प्रोटीन 3 से अत्यधिक सहसंबंध है, और ये दोनों मिलकर, संपूर्ण जीनोम भिन्नता के साथ सह-संबंधित हैं जो हम जनसंख्या में देखते हैं।

इसलिए हमारे एनएसएफ अनुदान के एक भाग के रूप में, हमने ओमेक्लस्ट नामक एक दृष्टिकोण विकसित किया। यह क्या करता है, आप इसे यहां बिंदुओं का एक सेट देते हैं, बिंदु व्यक्ति या वायरस के उपभेद हैं, और तीन - जब हम इसे तीन अलग-अलग क्षेत्रों से जानकारी का उपयोग करके चलाते हैं, पहला, वायरस का संपूर्ण जीनोम। दूसरा, स्पाइक प्रोटीन और तीसरा, नॉनस्ट्रक्चरल प्रोटीन। हम देखते हैं कि वे तीन, वे हमें समान समुदाय देते हैं। और यह उन सभी में सुसंगत है। इससे पता चलता है कि इन दो वितरणों को लक्षित करना और आगे की जांच करना महत्वपूर्ण है।

स्लाइड 7

इसके अलावा, हम इस भिन्नता को भी देखते हैं, जिसकी गणना आपने जनसंख्या के आधार पर की है, यह देखने के लिए कि ये महामारी विज्ञान के आंकड़ों के साथ कैसे संबंधित हैं। इसलिए, हमारे पास इतनी अधिक जानकारी नहीं थी, सिवाय इसके कि लिंग और उम्र यहां एक अच्छा उदाहरण है, कि वायरस जीनोम वास्तव में लिंग और उम्र के साथ अच्छी तरह से सहसंबंध नहीं है जैसा कि अपेक्षित था। परिणाम असंबंधित हो सकता है, लेकिन जीनोम की भिन्नता का जीनोम नहीं।

स्लाइड 8

तो, हमारे काम में भी, हम जो कर रहे हैं, उसका एक हिस्सा, ओमिक्स डेटा को एकीकृत करना है जिसे हम संक्रमित व्यक्तियों से मापते हैं, जैसे प्रोटीन या मेटाबोलिज्म। हम यह देखना चाहते हैं कि जब हम उन्हें एक साथ एकत्र करते हैं तो वे जानकारी हमें कैसे जानकारी देती हैं जो हमें उस डेटा से परिकल्पना की ओर ले जाती है जिसे हम लक्षित कर सकते हैं। और उदाहरण के लिए, आप यहां जो देख रहे हैं, वह एक दृष्टिकोण है जिसे हम 'btest' नाम से विकसित कर रहे हैं। यह क्या करता है, आपको रोगियों से मेटाबोलाइट्स की जानकारी मिलती है और रोगी और शरीर से प्रोटीन हमें बताते हैं - यह हमें रिशतों का एक ब्लॉक देता है, कैसे, कौन से मेटाबोलाइट्स हैं जो वे प्रोटीन या संक्रमित व्यक्तियों से संबंधित हैं। इसके अलावा, हम एक गहन शिक्षण दृष्टिकोण विकसित कर रहे हैं, जिसे आप इसे अनुक्रमण डेटा देते हैं और यह आपको बताता है - व्यक्तिगत रूप से, संक्रमित होने वाले व्यक्ति में, वायरस के जीनोम के आधार पर गंभीरता कैसी दिखती है जो हमें मिलती है संक्रमित व्यक्ति। तो, जैसा कि आप देख रहे हैं, हम ओमिक्स डेटा की जांच करने के लिए एक अलग, आप जानते हैं, दृष्टिकोण, तरीके, गहन शिक्षण दृष्टिकोण विकसित कर रहे हैं, पहला ध्यान जीनोम, वायरल जीनोम पर था, और अब हम मेटाबोलाइट्स प्रोटीन की ओर बढ़ रहे हैं और गहन शिक्षण दृष्टिकोण का उपयोग करके इस सारी जानकारी को एकीकृत करने का प्रयास करें।

स्लाइड 9

तो यहाँ मेरी लैब में कई छात्र हैं और कम्प्यूटेशनल बायोलॉजी, कम्प्यूटेशनल बायोलॉजी इंस्टीट्यूट से लेकर वाशिंगटन तक के सह-पीआई भी हैं, वे इस काम में सहयोग करते हैं। और यह एक टीम प्रयास है, इसलिए आप हमारे दृष्टिकोण और COVID-19 परिणामों के बारे में अधिक जान सकते हैं। हम उन्हें अपनी लैब वेबसाइट के एक वेब पेज पर पोस्ट करते हैं। और वे सॉफ्टवेयर भी जो हम विकसित कर रहे हैं जिनका उपयोग आप अपने डेटा की जांच के लिए कर सकते हैं। इसके साथ ही, मैं आपके ध्यान के लिए आपको धन्यवाद देना चाहता हूँ।