

تأثیر میدان شعوری فرادرمانی بر سویه جهش یافته ویروس کرونا

محمدعلی طاهری^۱، لاله امانی^۲، سیمین شریفی^۳، احمد خلیلی^۴، علی زمان وزیری^۵، حسین کیوانی^{۵*}

* نویسنده مسئول: حسین کیوانی
Keyvanlab@yahoo.com ایمیل:

DOI:<https://doi.org/10.61450/joci.FA.v1i1.77>

۱. بخش تحقیق و توسعه‌ی ساینس‌فکت، مرکز تحقیقات کازمواینتل، انتاریو، کانادا
۲. گروه زیست‌شناسی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران
۳. گروه بیوتکنولوژی دارویی، دانشکده‌ی داروسازی، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران
۴. مرکز تحقیقات زیست‌پزشکی سرطان، تهران، ایران
۵. گروه ویروس‌شناسی، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ایران

چکیده

همه‌گیری کووید-۱۹ همچنان تهدیدی برای سلامت جهانی است. در اواخر سال ۲۰۲۰، ظهور سریع سویه‌های جهش‌یافته‌ی ویروس کرونا گزارش شد که نگرانی‌هایی را در پیشگیری و درمان بیماری کرونا ایجاد کرد. ویروس کرونا که جهش D614G را در پروتئین ویروس اسپایک رمزگذاری می‌کند در سراسر جهان غلبه پیدا کرد و این تغییر باعث افزایش انتقال ویروس شد. علاوه بر این، نتایج منفی کاذب از نمونه‌های تنفسی یکی از مشکلات تشخیص بیماری کرونا است. میدان‌های شعوری (TCFs) را محمدعلی طاهری معرفی کرده است. این میدان‌های جدید، انرژی یا ماده نیستند و نمی‌توانند به‌طور مستقیم مورد ارزیابی و اندازه‌گیری قرار گیرند. با این حال، می‌توان اثرات آن‌ها را به وسیله‌ی آزمایش‌های علمی استاندارد به‌طور غیرمستقیم ارزیابی کرد. مطالعه‌ی حاضر با هدف بررسی تأثیر میدان شعوری فرادرمانی به عنوان یکی از میدان‌های شعوری بر تیترا و تعداد نسخه‌ی RNA ویروس جهش‌یافته D614G و همچنین، کیفیت قطعات تکثیر یافته‌ی ژنوم کروناویروس انجام شد. نتایج این مطالعه نشان داد میدان شعوری فرادرمانی تکثیر ویروس‌های غیر جهش‌یافته و جهش‌یافته و همچنین، replication fitness را در مقایسه با کنترل افزایش داد. میدان شعوری فرادرمانی سرعت تکثیر سویه‌ی جهش‌یافته را نزدیک به سویه‌ی غیر جهش‌یافته در سلول‌ها افزایش می‌دهد و در واقع، سویه‌ی غیر جهش‌یافته را به تعادل و سازگاری بیولوژیکی مشابه سویه‌ی ووهان با سلول رسانید. این مطالعه نشان می‌دهد فرادرمانی به عنوان تعدیل‌کننده عمل کرده و نرخ تکثیر بین سویه‌های جهش‌یافته و غیر جهش‌یافته را برابر کرده و در نتیجه به تعادل بیولوژیکی مشابه سویه‌ی ووهان دست یافته است. از نظر علمی، این موضوع بحث‌برانگیز است و زیست‌شناسی مولکولی مرسوم را به چالش می‌کشد و نیازمند مطالعات دقیق است. علاوه بر این، قطعات ژنوم کروناویروس در محصولات PCR تحت تأثیر میدان شعوری فرادرمانی باندهای مشخص‌تر و با کیفیت‌تری در الکتروفورز ژل در مقایسه با شاهد داشتند. این نتیجه نشان می‌دهد میدان شعوری فرادرمانی می‌تواند در سنجش‌های تشخیصی استفاده شود تا تعداد نتایج منفی کاذب به حداقل برسد و حساسیت آزمایش‌های تشخیصی افزایش یابد. براساس نتایج به دست آمده توصیه می‌شود اثرات میدان‌های شعوری بر جهش‌یافته‌های دیگر نیز مورد بررسی قرار گیرد.

کلیدواژه‌ها: کووید-۱۹، T-Consciousness، میدان‌های شعوری طاهری، میدان شعوری فرادرمانی، سویه‌ی جهش‌یافته، RT-PCR

مقدمه

ویروس کرونا (SARS-CoV-2) نوعی ویروس RNA دار است و فرآیند تکثیر این ویروس‌ها به دلیل عدم وجود سازوکار ترمیم عدم تطابق، با میزان جهش بالایی همراه است. از این رو، جهش‌های ویروس کرونا کاملاً قابل پیش‌بینی و منطقی است. ویروس ممکن است به دلیل جهش‌ها مسری‌تر و از بین بردن آن دشوار شود [۱]. کوربر و همکارانش نوع D614G (اسید آمینه در موقعیت ۶۱۴ از اسید آسپارتیک به گلیسین جهش یافته است) ویروس کرونا را شناسایی کردند که مسری‌تر بوده، بر سراسر جهان غلبه یافته است [۲، ۳]. در حال حاضر، سایر سویه‌های جدید در سراسر جهان به سرعت در حال گسترش‌اند و نگرانی‌هایی در مورد پیشگیری و درمان بیماری کرونا ایجاد کرده‌اند. تحقیقات اخیر نشان داده‌اند صرفاً آن جهش‌هایی که عملکردهای مهم بیولوژیکی دارند، قابلیت انتقال بالا را از خود نشان می‌دهند که این امر حاکی از آن است که این جهش‌های کلیدی ممکن است بر شدت بیماری کرونا، انتشار ویروس و فرار از سیستم ایمنی طبیعی یا القاشده به وسیله‌ی واکسن تاثیر بگذارد [۴]. ویروس کرونا با اتصال به آنزیم تبدیل‌کننده‌ی آنژیوتانسین (ACE2) به وسیله‌ی گیرنده RBD پروتئین اسپایک، سلول‌های انسانی را آلوده می‌کند. به نظر می‌رسد این جهش‌های کلیدی بر توانایی اتصال به ACE2 تاثیر می‌گذارد [۵].

واکسیناسیون در سراسر جهان به عنوان استراتژی‌ای اساسی برای مبارزه با بیماری کرونا انجام می‌شود. با این حال، با ظهور انواع جهش‌یافته‌ی ویروس کرونا، اثربخشی واکسن‌ها به موضوع اصلی بحث‌های جهانی تبدیل شده است. مطالعات اخیر نشان داد انواع جهش‌یافته‌ی ویروس کرونا به‌طور قابل توجهی بر اثرگذاری واکسن‌ها تاثیر می‌گذارد [۴].

تشخیص بیماری کرونا با ردیابی RNA ویروس از طریق real-time RT PCR انجام می‌شود. بر نتایج منفی کاذب از نمونه‌های تنفسی ویروس کرونا مطالعات متنوعی انجام شده است و میزان نتایج منفی کاذب را بین ۱ تا ۳۰ درصد گزارش کرده‌اند [۶، ۷]. نتایج منفی کاذب می‌تواند به دلایل گوناگونی مانند جمع‌آوری غیربهبه‌ی نمونه‌ها، حساسیت تحلیلی پایین، تست زودهنگام بیماری، نوع نامناسب نمونه، تغییرپذیری در میزان رهاسازی ویروس یا لود ویروسی پایین رخ دهد [۸-۱۱]. با توجه به فوریت کنترل بیماری کرونا، یافتن راه جدید برای کنترل جهش و عفونت و کاهش موارد منفی کاذب در تشخیص آن ضروری است.

این مطالعه به بررسی اثرات میدان‌های شعوری (ط) پرداخته است. بر اساس نظریه‌ی ظاهری، این میدان‌ها ماهیتی غیرفراکانسی دارند و زیرمجموعه‌ی شبکه‌ی شعور کیهانی هستند و امکان این که اثرات آن‌ها را بر موضوعات متنوعی اعم از موجودات زنده و مواد بررسی کنیم، وجود دارد [۱۲]. ما در تحقیقات پیشین، شاهد تاثیرات میدان‌های شعوری بر سلول سرطانی MCF7 [۱۳]، حافظه‌ی فضایی و رفتار اجتنابی مدل موش صحرایی با بیماری آلزایمر [۱۴]، گیاه گندم [۱۵]، رشد جمعیت باکتریایی [۱۶] و فعالیت الکتریکی مغز در طول مدت انجام فرادمانی در میان جمعیت فرادمانگرها [۱۷]

بودیم. در مطالعه‌ی حاضر، اثر میدان شعوری فرادمانی به عنوان یکی از میدان‌های شعوری (ط) بر تکثیر، تیر و تعداد نسخه‌های RNA ویروس کرونای D614G ارزیابی شد. همچنین، تاثیر میدان شعوری فرادمانی بر میزان و کیفیت تکثیر قطعات ژنوم کروناویروس در قطعات ژنوم کروناویروس مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

روش استفاده از میدان شعوری فرادمانی

نمونه‌های مورد مطالعه بر اساس دستورالعمل ارائه‌شده در وبسایت مدیریت تحقیقات در حوزه‌ی میدان‌های شعوری تحت تاثیر میدان‌های شعوری قرار گرفتند. جزئیات بیش‌تر در بخش ملاحظات مشترک این شماره ارائه شده است. در مطالعه‌ی حاضر، فرادمانی هم‌زمان با تلقیح ویروس در فلاسک‌های کشت سلولی در گروه‌های تیمار اعلام شد.

آماده‌سازی سویه‌های جهش‌یافته و غیرجهش‌یافته

برای مطالعه‌ی فعلی، سویه‌های غیرجهش‌یافته مشابه سویه‌ی اصلی ووهان و سویه‌ی جهش‌یافته با جهش D614G در پروتئین اسپایک ویروس مورد استفاده قرار گرفتند. سویه‌های ذکرشده از نمونه‌های بیمارستانی نازوفارنکس و حلق و بینی بیماران بستری در بخش مراقبت‌های ویژه در مرحله‌ی حاد بیماری با نتایج مثبت RT-PCR real-time با مقادیر Ct ۱۳ و ۱۲ جدا شدند.

کشت سلولی و تیتراسیون ویروس

فلاسک‌های T-25 با سلول‌های Vero به تعداد 5×10^6 در محیط کشت DMEM گلوکز بالا (Gibco) با 10% سرم جنین گاوی (Gibco) و در CO_2 5% در دمای ۳۷ درجه‌ی سانتی‌گراد و تا رسیدن به کانفلوئسی ۸۰% کشت داده شدند. سپس به پنج گروه با شش فلاسک برای ارزیابی ویروس جهش‌یافته و ویروس غیرجهش‌یافته با و بدون تیمار با میدان شعوری فرادمانی و کنترل منفی (بدون ویروس) تقسیم شدند. کشت‌های سلولی برای تلقیح ویروس پس از رسیدن به کانفلوئسی ۷۰% آماده شد. برای همه‌ی بررسی‌های مربوط به ویروس از آزمایشگاه سطح ایمنی ۳ (BSL-3) استفاده شد [۱۸]. کشت ویروس با $TCID_{50}/ml \sim \log 6$ برای تلقیح به فلاسک‌ها انتخاب شد. $TCID_{50}/ml$ در پلیت‌های ۹۶ خانه ارزیابی شد و همه‌ی پلیت‌ها هر ۲۴ ساعت از نظر CPE (اثر سیتوپاتیک) تحت نظر قرار گرفتند و نتایج پس از چهارروز گزارش و محاسبه‌ی تیر ویروس با روش Read & Munch انجام شد [۱۹].

real-time RT-PCR برای ارزیابی تعداد کپی RNA ویروس کرونا

از کیت LabPrep™ Viral DNA/RNA Mini بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده برای استخراج RNA استفاده شد. از کیت SinaClone برای سنتز cDNA استفاده شد. همه‌ی مراحل با ابزارها و محلول‌های بدون RNase انجام شد. همچنین، برای ساخت cDNA با غلظت یکسان در هر نمونه با توجه به

RT-PCR و الکتروفورز محصولات PCR قطعات پروتئینی S
ویروس جهش یافته ی کرونا

برای شش نمونه ی مثبت انتخاب شده به وسیله ی real-time PCR و با Ct ۱۳ که RNA آن ها استخراج و cDNA آن ها قبلا ساخته شده بود، سه جفت آغازگر به نام B27، B26 و B28 برای قسمت های مختلف پروتئین اسپایک S1، آزمایش PCR انجام شد (جدول ۱).

غلظت RNA، حجمی در نظر گرفته شد که مقدار ۱۰۰۰ نانوگرم RNA در آن وجود داشت و با آب و مستر میکس، حجم نهایی به ۲۰ میکرولیتر رسانیده شد. برای انجام real time PCR از کیت Biotechrabbit GmbH استفاده شد. با توجه به دستورالعمل و مواد، تعداد کپی RNA با استفاده از پرایمرهای ژن نوکلئوکپسید Rotor-Gene-Q 6000 (استرالیا، Corbett) برای انجام کلیه ی واکنش های real-time RT-PCR استفاده شد.

جدول ۱. توالی پرایمرهای مورد استفاده برای PCR پروتئین اسپایک S1

Primer number	Sequence of primer (5' to 3')	Length	Annealing temp (°C)	Target protein	Ref
B26	F: TATCTTGGCAAACCACGCGA R: ACCAGCTGTCCAACCTGAAG	1057	58	Spike	(20)
B27	F: CCCTCAGGGTTTTTCGGCTT R: CTGTGGATCACGGACAGCAT	1093	60	Spike	(20)
B28	F: CCAGCAACTGTTTGTGGACC R: GTGGCAAAACAGTAAGGCCG	1027	60	Spike	(20)

نتایج

میدان شعوری فرادرمانی تکثیر ویروس های غیر جهش یافته و جهش یافته را در مقایسه با کنترل افزایش داد ($p < 0.05$). علاوه بر این، میدان شعوری فرادرمانی میزان تکثیر سویه ی جهش یافته را نزدیک به سویه ی غیر جهش یافته در سلول ها افزایش داد. تیترو ویروس از $10^7 \times 3$ در گروه کنترل ویروس جهش یافته به $10^{7.2} \times 2$ (تقریباً $10^7 \times 3/17$) در گروه ویروس جهش یافته تحت تیمار با میدان شعوری فرادرمانی افزایش یافت. اما این افزایش از نظر آماری معنادار نبود ($p > 0.05$). همچنین، میدان شعوری فرادرمانی زمان لازم برای تخریب و مرگ سلولی را افزایش داد (جدول ۲).

محصولات PCR روی ژل الکتروفورز آگارز 1٪ در بافر TBE حاوی تریس بیس، اسید بوریک، EDTA و اتیدیوم بروماید با $pH = 8$ ران شدند. برای الکتروفورز، محصولات با ولتاژ ۹۰ ولت به مدت ۵۵ دقیقه با استفاده از DNA 100 bp (آلمان، Fermentas) به عنوان نشان گر مورد ارزیابی قرار گرفتند.

تجزیه و تحلیل آماری

داده ها با استفاده از نرم افزار SPSS (نسخه ی ۲۶) تجزیه و تحلیل شدند. سطح معناداری آماری $p > 0.05$ در نظر گرفته شد که معادل سطح اطمینان ۹۵٪ است. داده های ارزیابی تیترو ویروس و real-time RT-PCR با آنالیز واریانس دوطرفه برای ارزیابی تجزیه و تحلیل شدند.

جدول ۲. تیترو ویروس جهش یافته و غیر جهش یافته ی کرونا تحت تاثیر میدان شعوری فرادرمانی (FCF) و گروه های کنترل. همه ی شرایط به جز سویه های ویروس، برای هر دو گروه میدان شعوری فرادرمانی یکسان بود.

	Inoculum (Seed)	Non-mutated control	Mutated control	Non-mutated virus+ FCF	Mutated Virus+ FCF	Cell culture (Cell control)
TCID50/mL	1×10^6	$2 \times 10^{6.5}$	3×10^7	$2 \times 10^{7.2}$	$2 \times 10^{7.2}$	-
Ct Value in real-time RT-PCR	14	11	9	8	8	-

فرا درمانی و تناسب تکثیر آن‌ها را افزایش داده و ویروس کنترل بیش تری بر ماشین تکثیر سلولی به دست آورده است. به نظر می‌رسد میدان شعوری فرا درمانی سرعت تکثیر سویه‌ی جهش یافته را نزدیک به سویه‌ی غیر جهش یافته در سلول‌ها افزایش می‌دهد و در واقع مشابه سویه‌ی ووهان آن را به تعادل بیولوژیکی سازگاری با سلول می‌رساند. به منظور روشن شدن اثرات این تیمار، توصیه می‌کنیم تاثیر میدان‌های شعوری بر مدل‌های حیوانی با عفونت ویروسی جهش یافته و غیر جهش یافته ارزیابی شود.

نتایج منفی کاذب، پیامدهای حیاتی‌ای برای تشخیص و خطر انتقال و مدیریت بیماری کرونا دارد [۲۳]. با توجه به نتایج تاثیر میدان شعوری فرا درمانی بر RT-PCR ژنوم جهش یافته‌ی کرونا ویروس، ممکن است این میدان مراحل مختلف PCR را (مانند اتصال پرایمر، تکثیر و حرکت در الکتروفورز) بهبود بخشد. بر اساس نتایج، ممکن است میدان شعوری فرا درمانی نقش موثری در فرآیندهای PCR قطعات ویروس داشته باشد و می‌تواند در افزایش دقت تست‌های آزمایشگاهی و کاهش نتایج منفی کاذب مفید باشد.

همان‌طور که گفته شد، میدان‌های شعوری (ط) قابل اندازه‌گیری نیستند اما می‌توان اثرات آن‌ها را به‌طور غیرمستقیم به وسیله‌ی آزمایش‌های گوناگون بررسی کرد. پیشنهاد می‌کنیم جهش‌های دیگر ویروس بیماری کرونا برای مطالعه‌ی تاثیر میدان شعوری فرا درمانی بر موفقیت ایمن-سازی و واکسیناسیون به صورت *in vivo* بررسی شود.

تقدیر و تشکر

این مطالعه در آزمایشگاه تخصصی ویروس شناسی کیوان (KVSL) در تهران انجام شده است. ما از اعضای این آزمایشگاه برای کمک در انجام آزمایش‌ها تشکر می‌کنیم.

تضاد منافع

نویسندگان هیچ‌گونه تضاد منافی اعلام نکردند.

در نتایج real-time PCR، تعداد نسخه‌ی RNA گروه کنترل غیر جهش یافته نسبت به گروه غیر جهش یافته تحت تاثیر میدان شعوری فرا درمانی با تفاوت سه Ct تغییر یافت ($p < 0.05$). همچنین در گروه جهش یافته، این تفاوت بین کنترل جهش یافته و جهش یافته تحت تاثیر میدان شعوری فرا درمانی با اختلاف یک Ct تغییر یافت که از نظر اماری معنادار نبود ($p > 0.05$).

برای بررسی تاثیر میدان شعوری فرا درمانی بر کیفیت و میزان تکثیر قطعات ژنوم کرونا ویروس، PCR بر سه قطعه‌ی مهم ژن اسپایک ویروس کرونا که مسئول اتصال به سلول است، انجام شد. سپس ژل الکتروفورز بر محصولات PCR انجام شد. نمونه‌های تحت تاثیر میدان شعوری فرا درمانی در مقایسه با کنترل باندهای مشخص تری داشتند که ممکن است نشان دهنده‌ی تاثیر فرا درمانی بر کیفیت تکثیر در PCR باشد. برای اثبات این فرض نیاز به انجام آزمایش‌های تکمیلی است.

بحث

جایگزینی D614G روی گلیکوپروتئین اسپایک در سویه‌ی اولیه‌ی ووهان، تکثیر ویروس را افزایش داد [۲۱]. پلانیت و همکارانش (۲۰۲۱) اهمیت سویه‌ی G614 را در انتشار ویروس و پیامدهای آن در اثربخشی واکسن‌ها و درمان با آنتی‌بادی‌ها نشان دادند. ویروس G614 بیش از ویروس اصلی D614 در بافت‌های تنفسی فوقانی انسان و در رده‌ی سلولی اپیتلیال مسیر تنفسی انسان (Calu-3) تکثیر شد. افزایش تناسب تکثیر با افزایش پایداری و عفونی بودن ویروس G614 همراه بود [۲۱]. مقدار بیش تری از RNA ویروسی در بیماران آلوده به سویه‌ی جهش یافته‌ی D614G وجود دارد و این جهش یافته نسبت به سویه‌ی اصلی ووهان عفونی‌تر است [۳]. اوزونو و همکاران نشان دادند جهش D614G باعث افزایش ورود ویروس ناشی از افزایش میل اتصال به ACE2 بدون تاثیر بر اثر آنتی‌ژنی پروتئین S می‌شود [۲۲].

این مطالعه نشان داد میدان شعوری فرا درمانی، تکثیر ویروس‌های غیر جهش یافته و جهش یافته در مقایسه با گروه بدون تیمار با

منابع

1. Domingo, E., & Holland, J. (1997). RNA virus mutations and fitness for survival. *Annual Review of Microbiology*, 51(1), 151–178. <https://doi.org/10.1146/annurev.micro.51.1.151>
2. Hou, Y. J., Chiba, S., Halfmann, P., Ehre, C., Kuroda, M., Dinnon, K. H., Leist, S. R., Schäfer, A., Nakajima, N., Takahashi, K., ... Baric, R. S. (2020). SARS-CoV-2 D614G variant exhibits efficient replication *ex vivo* and transmission *in vivo*. *Science*, 370(6523), 1464–1468. <https://doi.org/10.1126/science.abe8499>
3. Korber, B., Fischer, W. M., Gnanakaran, S., Yoon, H., Theiler, J., Abfalterer, W., Hengartner, N., Giorgi, E. E., Bhattacharya, T., Foley, B., ... COVID-19 Genomics UK (COG-UK) Consortium. (2020). Tracking changes in SARS-CoV-2 spike: Evidence that D614G increases infectivity of the COVID-19 virus. *Cell*, 182(4), 812–827.e19. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.06.043>

4. Zhou, W., & Wang, W. (2021). Fast-spreading SARS-CoV-2 variants: Challenges to and new design strategies of COVID-19 vaccines. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 6(1), 1–6. <https://doi.org/10.1038/s41392-021-00644-x>
5. Starr, T. N., Greaney, A. J., Hilton, S. K., Ellis, D., Crawford, K. H. D., Dingens, A. S., Navarro, M. J., Bowen, J. E., Tortorici, M. A., Walls, A. C., ... Bloom, J. D. (2020). Deep mutational scanning of SARS-CoV-2 receptor binding domain reveals constraints on folding and ACE2 binding. *Cell*, 182(5), 1295–1310. e20. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.08.012>
6. Long, D. R., Gombor, S., Hogan, C. A., Greninger, A. L., Shah, V. O. R., Bryson-Cahn, C., Stevens, B., Rustagi, A., Jerome, K. R., & Kong, C. S. (2020). Occurrence and timing of subsequent SARS-CoV-2 RT-PCR positivity among initially negative patients. *medRxiv*, 2020-05. <https://doi.org/10.1101/2020.05.03.20089151>
7. Arevalo-Rodriguez, I., Buitrago-Garcia, D., Simancas-Racines, D., Zambrano-Achig, P., Del Campo, R., Ciapponi, A., Sued, O., Martinez-Garcia, L., Rutjes, A. W., & Low, N. (2020). False-negative results of initial RT-PCR assays for COVID-19: A systematic review. *PLoS One*, 15(12), e0242958. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242958>
8. Kinloch, N. N., Ritchie, G., Brumme, C. J., Dong, W., Lawson, T., Jones, R. B., Montaner, J. S., Leung, V., & Romney, M. G. (2020). Suboptimal biological sampling as a probable cause of false-negative COVID-19 diagnostic test results. *The Journal of Infectious Diseases*, 222(6), 899–902. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiaa370>
9. Kucirka, L. M., Lauer, S. A., Laeyendecker, O., Boon, D., & Lessler, J. (2020). Variation in false-negative rate of reverse transcriptase polymerase chain reaction–based SARS-CoV-2 tests by time since exposure. *Annals of Internal Medicine*, 173(4), 262–267. <https://doi.org/10.7326/M20-1495>
10. Kanji, J. N., Zelyas, N., MacDonald, C., Pabbaraju, K., Khan, M. N., Prasad, A., Hu, J., Diggle, M., Berenger, B. M., & Tipples, G. (2021). False negative rate of COVID-19 PCR testing: A discordant testing analysis. *Virology Journal*, 18(1), 1–6. <https://doi.org/10.1186/s12985-021-01489-0>
11. Pan, Y., Long, L., Zhang, D., Yuan, T., Cui, S., Yang, P., Wang, Q., & Ren, S. (2020). Potential false-negative nucleic acid testing results for severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 from thermal inactivation of samples with low viral loads. *Clinical Chemistry*, 66(6), 794–801. <https://doi.org/10.1186/s12985-021-01489-0>
12. Taheri, M. A. (2013). *Human from another outlook* (2nd ed.). Interuniversal Press. ISBN: 9781939507006
13. Taheri, M. A., Semsarha, F., Mahdavi, M., Afsartala, Z., & Amani, L. (2020). The influence of the Faradarmani Consciousness Field on the survival and death of MCF-7 breast cancer cells: An optimization perspective. *SSRN Electronic Journal*. <https://doi.org/10.2139/ssrn.3705537>
14. Taheri, M. A., Torabi, S., Nabavi, N., & Semsarha, F. (2021). Influence of Faradarmani consciousness field (FCF) on spatial memory and passive avoidance behavior of scopolamine model of Alzheimer disease in male Wistar rats. *SSRN Electronic Journal*. <https://doi.org/10.2139/ssrn.3761188>
15. Torabi, S., Taheri, M. A., & Semsarha, F. (2020). Alleviative effects of Faradarmani Consciousness Field on *Triticum aestivum* L. under salinity stress. *F1000Research*, 9, 1089. <https://doi.org/10.12688/f1000research.25247.4>
16. Taheri, M. A., Zarrini, G., Torabi, S., Nabavi, N., & Semsarha, F. (2021). Influence of Faradarmani Consciousness Field on bacterial population growth. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2021.01.08.426007>

17. Taheri, M. A., Semsarha, F., & Modarresi-Asem, F. (2020). An investigation on the electrical activity of the brain during Faradarmani connection in the Fara-therapist population. *SSRN Electronic Journal*. <https://doi.org/10.20944/preprints202009.0679.v1>.
18. World Health Organization. (2020, February 12). *Laboratory biosafety guidance related to coronavirus disease 2019 (COVID-19): Interim guidance*. WHO. <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WPE-GIH-2020.1>
19. Reed, L. J., & Muench, H. (1938). A simple method of estimating fifty per cent endpoints. *American Journal of Epidemiology*, 27(3), 493–497. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a118408>
20. Ren, L.-L., Wang, Y.-M., Wu, Z.-Q., Xiang, Z.-C., Guo, L., Xu, T., Jiang, Y.-Z., Xiong, Y., Li, Y.-J., Li, X.-W., ... Chen, H. (2020). Identification of a novel coronavirus causing severe pneumonia in humans: A descriptive study. *Chinese Medical Journal*, 133(9), 1015–1024. <https://doi.org/10.1097/CM9.0000000000000722>
21. Plante, J. A., Liu, Y., Liu, J., Xia, H., Johnson, B. A., Lokugamage, K. G., Zhang, X., Muruato, A. E., Zou, J., Fontes-Garfias, C. R., ... Shi, P. Y. (2021). Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness. *Nature*, 592(7852), 116–121. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2895-3>
22. Ozono, S., Zhang, Y., Ode, H., Sano, K., Tan, T. S., Imai, K., Miyoshi, K., Kishigami, S., Ueno, T., & Iwatani, Y. (2021). SARS-CoV-2 D614G spike mutation increases entry efficiency with enhanced ACE2-binding affinity. *Nature Communications*, 12(1), 848. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21118-2>
23. West, C. P., Montori, V. M., & Sampathkumar, P. (2020). COVID-19 testing: The threat of false-negative results. *Mayo Clinic Proceedings*, 95(6), 1127–1129. <https://doi.org/10.1016/j.mayocp.2020.04.004>