

Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2

Lucy van Dorp, Mislav Acman, Damien Richard, Liam P.Shawd, Charlotte E.Ford, Louise Ormond, Christopher J.Owen, Juanita Pang, Cedric C.S. Tan, Florencia A.T.Boshier, Arturo Torres Ortiz i François Balloux

Editorial ScienceDirect

2020

Anàlisi d'informes sobre la COVID 19

Context: seguiment i evolució de la pandèmia

Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2

Lucy van Dorp, Mislav Acman, Damien Richard, Liam P.Shawd,
Charlotte E.Ford, Louise Ormond, Christopher J.Owen, Juanita
Pang, Cedric C.S. Tan, Florencia A.T.Boshier, Arturo Torres Ortiz
i François Balloux



Infection, Genetics and Evolution

Volume 83, September 2020, 104351



Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2

Lucy van Dorp ^a  , Mislav Acman ^{a, 1}, Damien Richard ^{b, c, 1}, Liam P. Shaw ^{d, 1}, Charlotte E. Ford ^a, Louise Ormond ^a, Christopher J. Owen ^a, Juanita Pang ^{a, e}, Cedric C.S. Tan ^a, Florencia A.T. Boshier ^e, Arturo Torres Ortiz ^{a, f}, François Balloux ^a  

Abstract

Un equip d'investigadors dirigits per l'Universisty College London fan públic un estudi mitjançant el qual avaluen la diversitat genètica del nou brot de coronavirus i afirmen que

és possible que hagués començat entre els mesos d'octubre i desembre, que és quan el virus va passar als humans. L'objectiu del present estudi és analitzar com es transmet la COVID-19 i per fer-ho estudien tota la informació genètica de més de 7.500 genomes de SARS-CoV-2 de pacients d'arreu del planeta.

Idees principals

- D'aquests més de 7.500 genomes analitzats descobreixen que el virus ha produït un total de 198 mutacions, que indiquen com aquest virus s'està adaptant al cos humà i infectant-lo.
- Amb aquesta diversitat de genomes i la informació genètica de cada un es va poder localitzar el punt comú entre tots i es va arribar a la conclusió que la data en la que el virus va començar a infectar humans és entre octubre i desembre de l'any passat, i és molt poc probable que la data sigui anterior a aquesta.
- Hi ha una enorme diversitat genètica en tots els països afectats pel coronavirus, per tant, no hi ha un únic pacient zero en la majoria dels països, doncs hi va haver una gran transmissió a tot el món des de que el virus va començar a afectar els humans i se'n tingues coneixement.
- No hi ha res que suggereixi que el SARS-CoV-2 estigui mutant més ràpid i sigui més letal que altres virus que han afectat als humans. Aquestes mutacions no tindran conseqüències funcionals, únicament son alteracions del virus durant el procés infecciós.

Conclusions

S'han d'analitzar les parts del genoma que presentin menys mutacions, perquè així poden utilitzar-se per desenvolupar vacunes i altres tractaments mèdics necessaris per frenar l'expansió del virus a tot el planeta. Si els esforços es centren en analitzar aquestes parts i comprendre les seves mutacions a mesura que estiguin disponibles, hi haurà més possibilitats per desenvolupar medicaments que siguin més efectius a llarg termini.

Accedeix a l'[informe complet](#).