

Scris de newsreporter pe 22 aprilie 2020, 07:58

A fost realizat "arborele genealogic" al coronavirusului. Cand a aparut

Oamenii de stiinta care au studiat mutatiile coronavirusului au decodat peste 10.000 de genomi diferiti ai letalului patogen si au realizat o harta, un vast arbore genealogic care va fi crucial pentru oprirea raspandirii pandemiei si dezvoltarii tratamentului, relateaza Financial Times, potrivit Hotnews.ro.

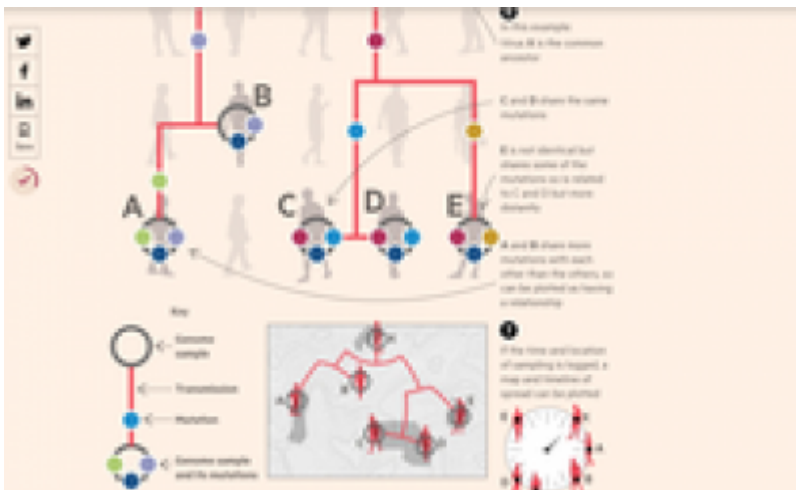


image-2020-04-21-23890991-46-harta-mutatiilor-coronavirusului.png

De la analiza primei mostre virale in Wuhan, in decembrie, echipe internationale de cercetare au folosit filogeneza pentru a crea un vast arbore genealogic al virusului Sars-CoV-2 responsabil de Covid-19, care arata modul in care se raspandeste, de la centrul epidemiei pana in toate colturile lumii.

"Epidemiologia genetica va fi un instrument vital in eforturile umanitatii de a combate Covid-19 si sa se intoarca lumea spre normalitate", a spus Emma Hodcroft, genetician evolutionist la Universitatea din Basel care ia parte la proiectul Nextstrain. "Pentru inceput va fi un instrument pentru a ajuta distingerea dintre transmisiile locale fata de cele importate, in timp ce ne orientam catre carantina".

Harta mutatiilor va fi folosita pentru a intelege orice val urmator al virusului, daca si cand actuala epidemie poate fi tinuta sub control, precum si dezvoltarea unor tratamente si vaccinuri. Cand acestea vor fi intr-un final introduse, tehnologia genetica va fi implicata in detectarea oricarui semn de dezvoltare a rezistentei. In acest moment sunt in lucru aproximativ 80 de vaccinuri si 150 de medicamente pentru Covid-19 in intreaga lume.

Toate virusurile sufera mutatii si niciuna dintre modificarile Sars-CoV-2 nu si-a modificat comportamentul pentru a-l face mai periculos - sau nu pana acum cel putin.

”Oamenii au vorbit despre diferite tulpini care evolueaza in timp ce virusul se raspandeste si sufera mutatii, dar noi credem ca e periculos sa folosesti acest termen pentru ca sugereaza ca mutatiile fac ca virusul sa fie mai putin transmisibil sau virulent”, a spus Hodcroft.

Ca multe virusuri, Sars-CoV-2 inmagazineaza gene precum ARN. Pentru ca genomul viral evolueaza intr-un ritm stabil in timp ce se multiplica, cu o medie de 2,5 mutatii pe luna, oamenii de stiinta pot folosi acest lucru ca pe un ceas molecular. Diferenta genetica dintre mostrele Sars-CoV-2 ofera o estimare exacta a momentului in care filiatile se separa intre ele.

Aceasta tehnica a permis cercetatorilor sa stabileasca momentul in care virusul a inceput sa circule in China. ”Secventele ne duc spre farsitul lunii noiembrie - poate mijlocul lunii noiembrie, dar nu mai devreme de atat”, a spus Hodcroft.

Acest lucru anuleaza ideea ca virusul a ajuns in anumite tari vestice la finalul anului trecut si a circulat in secret pana in momentul in care epidemia a ajuns in atentia publicului.

Analiza genetica confirma ca Europa si America de Nord nu au avut cazuri inainte de mijlocul lunii ianuarie.

Exemple de diversitate geografica a introducerii Covid-19 pot fi vazute cel mai bine in Islanda, care a realizat cele mai multe teste si analize genetice a Sars-CoV-2 pe cap de locuitor decat orice alta tara.

Kari Stefansson, sef executiv la deCode Genetics, o companie de genetica din Islanda, a spus ca acest lucru arata modul in care virusul a intrat in tara prin calatori dintr-un anumit numar de tari, inclusiv de la cei care s-au intors acasa din vacantele de schi din Alpi la sfarsitul lui februarie.

”Am identificat tipare ale mutatiilor caracteristice epidemiei din toata lumea”, a spus el.

„Avem o reprezentare a epidemiei iraniene, din coasta de vest a SUA si din Europa, inclusiv din Regatul Unit”.

Un aspect al Sars-CoV-2 este modul in care a evoluat mai lent decat orice alt virus, precum HIV. Pana acum doar 40 de litere biochimice au evoluat cel mai departe fata de mostrele de comparatie.

Desi analiza nu a aratat pana acum mutatii care ar putea afecta transmisibilitatea sau virulenta, cercetatorii observa cu atentie in cazul in care apar.

”in timp ce epidemia progresa, unele filiatii se vor inmulti, iar altele vor muri”, a spus Nick Loman, profesor la Universitatea din Birmingham.

”Vom avea cu certitudine mutatii care sa schimbe caracterul virusului”, a adaugat el, ”desi nu am vazut acest lucru intamplandu-se deocamdata”.

HotNews.ro

ADRESA: <http://crct.ro/nvZx>