

Pojawiła się bardziej zaraźliwa forma SARS-CoV-2

6 maja 2020

Dane o COVID-19 z raportu [nr 106 WHO z 5 maja 2020 r.](#):

- 3 517 345 – potwierdzone przypadki zachorowań od początku pandemii;
- 81 454 – potwierdzone przypadki zachorowań z ostatniej doby;
- 243 401 – łączna liczba zgonów od początku pandemii;
- 3 797 nowe przypadki zgonów z ostatnich 24 godzin.

Dzienna liczba nowych zarażeń spadła, dzienna liczba nowych zgonów wzrosła względem ubiegłego raportu, ale jest niższa niż we wcześniejszych dniach. Krzywa epidemii w Europie systematycznie spada w dół z chwilowymi skokami w górę. Rośnie w Południowo-Wschodniej Azji, a najwyższe wskaźniki są w Amerykach (oba kontynenty są zliczane przez WHO razem).

Koronawirus zmutował i obecnie mamy do czynienia z nową, bardziej zaraźliwą i niebezpieczną odmianą, twierdzą naukowcy z Los Alamos National Laboratory (LANL). Pojawiła się ona w Europie na początku lutego. Stamtąd zaczęła się rozprzestrzeniać i pod koniec marca dominowała na całym świecie. Naukowcy ostrzegają, że jeśli epidemia SARS-CoV-2 nie wygaśnie w sezonie letnim, jak ma to miejsce w przypadku grypy sezonowej, może nadal mutować, co znakomicie może utrudnić opracowanie szczepionki.

„To złe wiadomości” – mówi główna autorka badań, Bette Korber. „Nie powinno nas to jednak zniechęcać. Nasz zespół z LANL udokumentował tę mutację, a było to możliwe dzięki ogólnoświatowemu wysiłkowi naukowców, którzy natychmiast udostępniają genom lokalnie występującego wirusa”.

Przypomnijmy, że na początku marca chińscy naukowcy informowali o zidentyfikowaniu dwóch typów koronawirusa SARS-CoV-2, z których bardziej agresywny powodował 70% infekcji, a starszy i mniej agresywny – 30%. Typ bardziej agresywny miał być też bardziej rozpowszechniony w Wuhan na wczesnych etapach epidemii.

Teraz naukowcy z Los Alamos, we współpracy z uczonymi z Duke University i brytyjskiego University of Sheffield przeanalizowali tysiące genomów SARS-CoV-2 zebranych przez Global Initiative for Sharing All Influenza Database (GISAID).

Analizą zajął się zespół, który dotychczas zajmował się tworzeniem bazy danych nt. wirusa HIV. Od dwóch miesięcy specjaliści ci rozwijają narzędzia do śledzenia i analizy SARS-CoV-2 w czasie rzeczywistym. Bo bazy GISAID trafiają obecnie setki genomów koronawirusa dziennie, a eksperci z Los Alamos na bieżąco je analizują.

Dotychczas zidentyfikowano mutacje w 14 miejscach proteiny S, za pomocą której wirus przyłącza się do komórek. Najbardziej niepokojące są dwie z nich. Są to mutacja D614G, czyli zmiana nukleotydów G na A w pozycji 23403 w szczepie referencyjnym z Wuhan. Z nieznanych obecnie przyczyn wiąże się ona z większą zaraźliwością wirusa. Naukowców martwi też mutacja S943P. Co prawda występuje ona wyłącznie na terenie Belgii, ale wiele wskazuje na to, że jest ona skutkiem rekombinacji. Ten proces wymaga zaś jednoczesnej infekcji organizmu gospodarza dwoma odmiennymi szczepami wirusa.

Cała praca w formacie PDF, wraz ze szczegółowym opisem wszystkich mutacji, została opublikowana [TUTAJ](#).

Autor: Mariusz Błoński

Na podstawie: [Biorxiv.org](https://www.biorxiv.org/)

Źródła: WolneMedia.net (statystyki) i [KopalniaWiedzy.pl](https://kopalnia wiedzy.pl) (treść główna)