**DIVERSIDAD GENÉTICA DEL CORONAVIRUS SARS-COV-2**

**Investigadores del *University College of London* han publicado esta semana una imagen detallada de la diversidad del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 que será de utilidad para el desarrollo de fármacos y vacunas frente a la enfermedad COVID-19, causada por el virus.**

El equipo ha analizado los genomas del coronavirus obtenidos de más de 7500 personas con COVID-19, distribuidas por todo el planeta y han obtenido información relevante sobre cómo se ha dispersado el virus y qué puntos débiles de su genoma podrían ser aprovechados para hacerle frente.

**La historia del coronavirus SARS-CoV-2**

El nuevo coronavirus muta. Todos los virus lo hacen. Con el tiempo su genoma adquiere mutaciones que pueden mantenerse y propagarse durante su ciclo reproductivo. El análisis de estas mutaciones, cuándo ocurren y dónde se producen, puede proporcionar información sobre su evolución y o regiones más variables.

A partir de las variaciones y cambios producidos a lo largo del tiempo en el genoma del coronavirus, los investigadores han podido reconstruir hacia atrás su historia y poner fecha a su origen. El equipo  estima que la pandemia de COVID-19 se inició en algún momento entre el 6 de octubre de 2019 y el 11 de diciembre, momento en el que calculan que se produjo el salto a humanos desde otra especie.

Además, los investigadores han calculado que se produjeron múltiples introducciones del virus en las diferentes regiones geográficas. En algunos casos, la diversidad del virus dentro del país casi tan elevada como la mundial. Esto implica que no hubo un paciente cero sino múltiples eventos de transmisión local.

**Mutaciones recurrentes**

Los investigadores han detectado 198 posiciones en el genoma del coronavirus que han sufrido mutaciones recurrentes y han sido detectadas en diferentes pacientes. La mayor parte de estas mutaciones (cerca del 80%) implican cambios de aminoácido en la proteína codificada lo que el equipo interpreta como una posible adaptación en marcha del virus a su hospedador humano. Esta cuestión, señalan, deberá ser investigada en estudios más detallados que evalúen cuál es el efecto de los cambios.

Además, las mutaciones encontradas no se localizan de forma aleatoria en el genoma, sino que están en regiones concretas. Esto significa que hay zonas del genoma más variables que otras, lo que puede ser utilizado para desarrollar pruebas de diagnóstico, dirigidas a regiones conservadas, así como vacunas u otras estrategias terapéuticas para contraatacar al virus. “Un reto principal para derrotar virus es que una vacuna o fármaco podría no ser efectivo si el virus muta”, destaca François Balloux, profesor en el Instituto de Genética del *University College London*y uno de los directores del trabajo. “Si centramos nuestros esfuerzos en partes del virus que es menos probable que muten tenemos una mejor oportunidad para desarrollar fármacos que serán efectivos a largo plazo. Necesitamos desarrollar fármacos y vacunas que no sean fácilmente evadidos por el virus”.

**Mejor preparados que nunca**

Los avances tecnológicos realizados en los últimos años, hacen que la capacidad humana de respuesta a una pandemia como la de COVID-19 sea la mejor que haya existido hasta la fecha.  El análisis epidemiológico y la investigación genómica del virus han acelerado el conocimiento sobre el virus y han proporcionado importantes herramientas para hacerle frente.

Los autores del trabajo reconocen el trabajo de los cientos de investigadores que han depositado secuencias de genomas del coronavirus SARS-CoV-2 en repositorios públicos que permiten analizar en tiempo real la proliferación del virus, como [NextStrain](https://nextstrain.org/) y [CoV-GLUE](http://cov-glue.cvr.gla.ac.uk/). Los datos y resultados del estudio en relación a la diversidad del virus están disponibles también de forma pública en una [plataforma online interactiva](https://macman123.shinyapps.io/ugi-scov2-alignment-screen/) desarrollada a tal efecto por el equipo.

“Ser capaces de analizar un número tan extraordinario de genomas víricos en los primeros meses de la pandemia podría ser inestimable para los esfuerzos en desarrollar fármacos y muestra cómo de lejos ha llegado la investigación genómica en la última década”, señala Lucy van Dorp, investigadora del Instituto de Genética del *University College London* y una de las primeras firmantes del trabajo. “Todos nos estamos beneficiando de un esfuerzo increíble por parte de cientos de investigadores que globalmente han estado secuenciando los genomas del virus y haciéndolos accesibles online”.

**Referencia:** van Dorp L, et al. Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2. Infection, Genetics and Evolution. 2020. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104351>

**Fuente:** Mutations in SARS-CoV-2 offer insights into virus evolution. <https://www.ucl.ac.uk/news/2020/may/mutations-sars-cov-2-offer-insights-virus-evolution>