

Drugi koronawirus ciężkiego ostrego zespołu oddechowego (SARS-CoV-2), związany z chorobą koronawirusową 2019 (COVID-19), jest nowym patogenem wprowadzonym niedawno do populacji. Pojawienie się SARS-CoV-2 przekształciło się w ogólnoswiatową epidemię, z pierwszymi przypadkami w Polsce na przełomie lutego i marca 2020 roku. Wykorzystanie technologii molekularnych do sekwencjonowania genomu wirusa umożliwiło szybką ocenę ewolucji Sars-Cov-2. Nowe warianty niosą ze sobą mutacje wpływające na przenoszenie i patogenność wirusa i wymagają ciągłych aktualizacji genetycznych baz danych w celu informowania opinii publicznej o zagrożeniach i prowadzenia badań nad szczepionkami.

Podczas pierwszej fali epidemii w Polsce wirus był mniej zróżnicowany genetycznie w porównaniu do kolejnych faz epidemii. Już jesienią 2020 r. wzrosła różnorodność molekularna wirusa wraz z znaczną liczbą zachorowań i zwiększoną śmiertelnością. Od listopada 2020 r. do grudnia 2021 r. częstość występowania mutacji w białku kolca wirusa (białko pozwala wnikać wirusowi do komórek gospodarza) wzrosła kilkukrotnie, najprawdopodobniej odzwierciedlając rosnącą dynamikę infekcji w populacji i dużą liczbę krążących szczepów wirusa w populacji. Wzrost ten był związany z rosnącą częstością wariantów budzących obawy (WBO), takich jak B.1.1.7 (Alfa), B.1.617.2 (Delta) ostatnio BA.1 (Omicron), który naturalnie zawierają zwiększoną liczbę mutacji w białku kolca, nie wspominając o akumulacji innych zmian (delecji i substytucji). Rekombinacja, czyli transfer informacji genetycznej między cząsteczkami pochodzącymi z różnych organizmów (wariantów), jest podstawowym procesem ewolucji, ponieważ może generować nową zmienność genetyczną. Niedawno zaobserwowano, że globalne bazy danych zawierają sekwencje genomu SARS-CoV-2 mogące pochodzić z procesów rekombinacji.

W niniejszym badaniu przedstawimy dane nadzoru molekularnego dotyczące ewolucji wariantów SARS-Cov-2 w tym przede wszystkim procesu rekombinacji. Skupimy się na w pięciu najbardziej zaludnionych państwach Unii Europejskiej, tj. Niemczech, Francji, Włoszech, Hiszpanii i Polsce. Ponadto będziemy śledzić określone mutacje w analizie linii wirusowych, aby scharakteryzować zmiany w białku kolca wirusa. Do analizy wykorzystamy sekwencje z publicznie dostępnych baz danych oraz genomach zsekwencjonowanych w naszym laboratorium. Stały nadzór i śledzenie powstających linii wirusów powinno koncentrować się na wariantach budzących obawy oraz ewolucji białka kolca. Niniejsze badania zidentyfikują jak poszczególne warianty wirusa rozprzestrzeniają się pomiędzy krajami. Rosnąca zmienność molekularna wirusa podczas pandemii prawdopodobnie skutkowało pojawieniem się infekcji wariantami wzbudzającymi obawy i powstałymi w wyniku procesu rekombinacji. Dodatkowo warianty wirusa budzące obawy niosą mutacje związane ze zoptymalizowaną zaraźliwością i potencjalnie wyższą zjadliwością co mogło przyczynić się do powstania fal epidemii. Ciągły nadzór umożliwi monitorowanie zmienności ewolucyjnej wirusa i zagrożeń związanych z pojawieniem się nowych wariantów. W związku z tym charakterystyka rekombinacji w SARS-CoV-2 ma zasadnicze znaczenie dla badania dynamiki trwającej obecnie pandemii.