

Para evaluar la variación genética de diferentes SARS-Cepar a COV-2, el nuevo recurso de Coronavirus de 2019 del Centro Nacional de China para la bioinformación alineada 77,801 Secuencias del genoma de SARS-COV-2 Detected Glob-aliado e identificaron un total de 15,018 mutaciones, incluyendo 14,824 Polimorfismos de un solo nucleótido (BIBD) * '. En la proteína S, cuatro alteraciones de aminoácidos, V483A, 14551, F456V y G4765, se encuentran cerca de la unión. interfaz en el RBD, pero sus efectos en la unión a la El receptor del huésped es desconocido. La alteración D614G en La subunidad S1 fue encontrada con más frecuencia que otros S Variant Sitios, y es el marcador de una subclaza principal de SARS-COV-2 (Clade G). Desde marzo de 2020, SARS-COV-2. Las variantes con G614 en la proteína S han reemplazado el Variantes D614 originales y se convierten en la forma dominante. circulando a nivel mundial. En comparación con la variante D614, Se encontraron cargas virales más altas en pacientes infectados con La variante G614, pero los datos clínicos no sugirieron ningún significado. Enlace icante entre la alteración y enfermedad D614G gravedad". Virus pseudotipados que llevan la proteína S. con G614 generó títulos infecciosos más altos que los virus Llevando la proteína S con D614, lo que sugiere la alteración. Puede haber aumentado la infectividad del SARS-COV-2 (ÁRBITRO."). Sin embargo, los resultados de los experimentos in vitro. En los modelos pseudovirus pueden no reflexionar exactamente naturales. infección. Este hallazgo preliminar debe ser validado. por más estudios utilizando variantes de SARS-COV-2 de tipo salvaje a Infecta diferentes células diana y modelos animales. Si Este aminoácido cambia de transmisible virus mejorado. También se debe determinar la ITY. Otra mutación de marcador Para SARS-COV-2 Evolution es el un solo nucleótido.