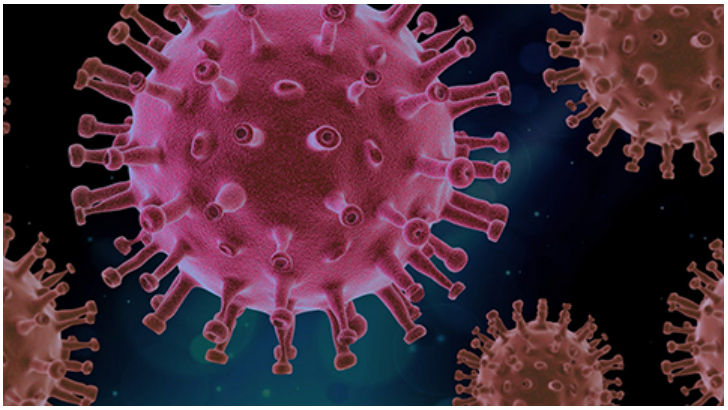
Учёный СФУ объяснил появление новых штаммов коронавируса



В России обнаружен новый вариант коронавируса, который приобрел 18 мутаций за четыре месяца нахождения в организме пациентки с подавленным иммунитетом. Этот штамм уже назвали «российским» по аналогии с «британским». Он имеет схожие мутации с «британским» штаммом, для которого уже показано, что он распространяется в два раза быстрее, чем в среднем другие штаммы (его коэффициент репродукции равен 2, т.е. один человек, инфицированный этим штаммом в среднем заражает двух других, в том время как для большинства других штаммов это значение в среднем равно 1).

Впрочем, по мнению российских экспертов, делать выводы о степени опасности нового штамма всё же преждевременно — в основном потому, что он недостаточно изучен, и на сегодняшний день описан только один подобный случай с пациентом.

Статью о новом штамме коронавируса опубликовали учёные Сколковского института науки и технологий (Сколтех) в соавторстве с исследователями Института проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН, а также Первого государственного медицинского университета им. И.П. Павлова и НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева.

В исследовании описывается случай женщины с диагнозом «неходжкинская диффузная В-клеточная лимфома IV стадии В» (злокачественное новообразование). Она заразилась коронавирусом в палате, проходя химиотерапию в апреле. Все ПЦР-тесты, сделанные пациентке с апреля по сентябрь, показывали положительные результаты вплоть до 9 сентября.

«В геноме нашумевшего «британского» штамма 20B/501Y.V1 или VOC 202012/01 (линии B.1.1.7) также обнаружено много новых функциональных мутаций. Было предположено, что он мутировал, находясь долгое время у пациента с ослабленным или подавленным иммунитетом. Но именно в этой российской работе было впервые убедительно показано, что приобретение большого количества мутаций является результатом долгого нахождения SARS-CoV-2 в одном организме. Именно в таких условиях коронавирус получает возможность изменяться необычайно быстро и эволюционировать в сторону адаптации к организму хозяина-человека. Большинство из этих мутаций — несинонимичные, то есть вызывают замену аминокислот в белках вируса и могут повлиять на функции вируса», — объяснил профессор кафедры геномики и биоинформатики СФУ, профессор Геттингенского университета (Германия) **Константин Крутовский**.

Сообщается также, что две из 18 мутаций идентичны мутациям, найденным у норок в Дании. Из-за быстрого распространения вируса среди этих животных, множество норок подверглись уничтожению. Опасную комбинацию обозначили как ΔF — именно она дает патогену возможность быстро размножаться и уклоняться от распознавания путем нейтрализации антител. Это вызвало опасения, что такие мутации могут повлиять на эффективность вакцины.

«Маловероятно, что независимое возникновение похожих комбинаций мутаций случайно, вероятнее всего, это признак направленного естественного отбора в пользу мутаций, способствующих адаптации вируса к хозяину. Другие мутации совпадают с теми, которые раньше наблюдались при эволюции вируса в SARS-CoV-2 у других пациентов с подавленным иммунитетом, и с теми, которые возникли в быстро распространяющемся «британском» варианте (VOC-202012/01), который тоже, предположительно, возник у человека с ослабленным иммунитетом», — отметил Крутовский.

Первыми новостью поделились Известия

Пресс-служба СФУ, 13 января 2021 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, info@sfu-kras.ru.

Адрес страницы: https://news.sfu-kras.ru/node/24097