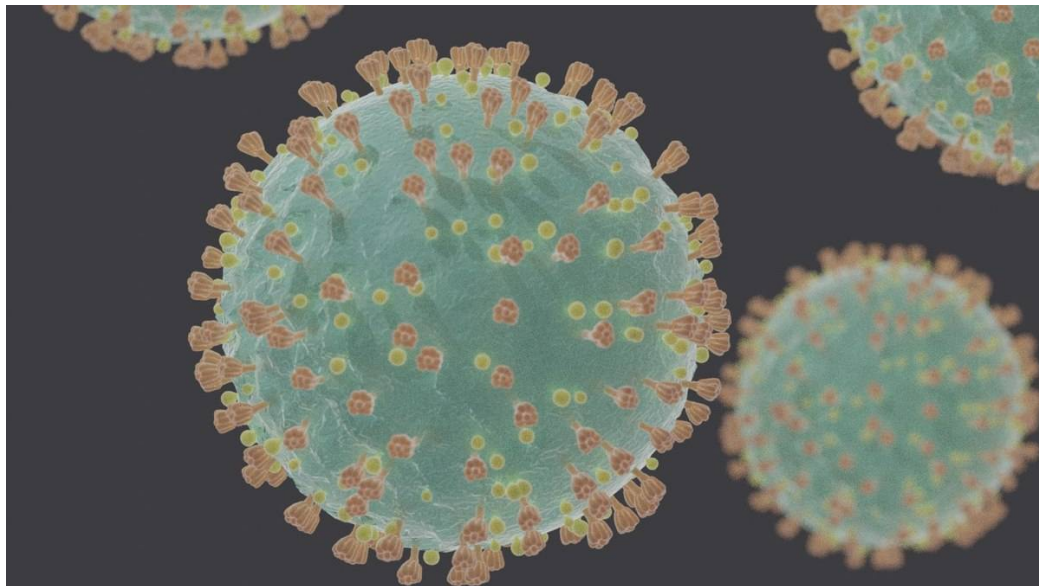


La primera secuencia de un SARS-CoV-2 'español' corrobora que muta menos que la gripe

El análisis de la primera secuencia del genoma del nuevo coronavirus aislado de un paciente español revela que muta menos que el de la gripe común, pero aún no da información sobre si están cambiando la agresividad, la virulencia o los patrones de transmisión.

Mónica G. Salomone

13/3/2020 19:34 CEST



COVID-19 / Wikipedia

El coronavirus está mutando en España, pero ni más ni menos que en otros países. El análisis de la primera secuencia del genoma de un coronavirus aislado de un paciente español aún no revela información sobre si están cambiando la agresividad, la virulencia o los patrones de transmisión del virus.

Grupos de investigación en todo el mundo han colgado en la base más de 430 secuencias, de unos 40 países

Los autores del trabajo, realizado por el Servicio de Secuenciación y Bioinformática y el grupo de investigación en Epidemiología Molecular de FISABIO y liderados por **Fernando González Candelas**, de la Universidad de Valencia, colgaron los datos ayer por la tarde en [una base de datos científica](#), y ya están disponibles para toda la comunidad científica.

Un aspecto clave para combatir el coronavirus es conocer su evolución según va saltando de una persona a otra. Para eso, los **bioinformáticos** comparan las secuencias que se obtienen en cada país buscando mutaciones. Por ahora, grupos de investigación en todo el mundo han colgado en la base más de 430 secuencias, de unos 40 países.

Con estas secuencias se sabe ya, explica González Candelas, que el virus muta menos que el de la gripe, por ejemplo. Pero hacen falta todavía muchas más muestras y datos epidemiológicos para sacar conclusiones respecto a cambios en comportamiento del virus.

Mutaciones identificadas

“Hemos identificado las mutaciones, y como ha pasado bastante tiempo desde el principio de la epidemia vemos que son bastantes, pero no más que en otros países”, dice a SINC González Candelas, que ha insistido en que aún no se puede saber nada sobre **cambios en la transmisión o agresividad** del virus.

La experiencia del grupo en epidemiología molecular con virus es lo que les ha permitido obtener este resultado con rapidez, así como el disponer de las técnicas adecuadas para hacer “secuenciación de tercera generación”.

González Candelas asegura que “se está trabajando mucho y se comparte mucho, aunque no sabemos si todo, porque no conocemos lo que no se comparte”

González Candelas dirige la unidad de “Evolución y Salud” en el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio) de la Universidad de Valencia y el

CSIC. Los investigadores trabajaron con el virus ya desactivado.

El grupo seguirá ahora secuenciando más muestras. González Candelas asegura que “se está trabajando mucho y se comparte mucho, aunque no sabemos si todo, porque no conocemos lo que no se comparte”.

Voces en la comunidad científica han apelado a la [apertura de todos los datos](#) sobre el Covid-19.

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

SARS-COV-2 | COVID-19 | PANDEMIA | EPIDEMIA | VIRUS | CORONAVIRUS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)