

# Az egyidőben terjedő SARS-CoV-2-variánsok kockázatai

Átfogó elemzésben vizsgálták az ELTE Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék munkatársai, mennyire gyakori, hogy valaki több különböző SARS-CoV-2 variánssal fertőződik meg egyidejűleg. A vizsgálat során kitértek arra is, hogy ezekben az esetekben milyen eséllyel jöhet létre a különböző variánsokból egy új, hibrid vírusváltozat.

A COVID-19 betegséget okozó SARS-CoV-2 koronavírusról a világon korábban nem látott mértékű monitorozásnak és nemzetközi összefogásnak köszönhetően óriási adatmennyiség gyűlt össze és érhető el az interneten, amely a folyamatos nyomon követésen felül számos alap kutatás kiindulásaként is szolgálhat. **Csabai István kutatócsoportjának** közreműködésével egy [európai konzorcium](#) létrehozta az [Európai COVID-19 Adatportált](#), amelynek célja a nyilvánosan elérhető SARS-CoV-2 genomszekvenálási eredmények egységes módszertannal való elemzése és az eredmények könnyen kereshető adatbázisba építése. Világszinten több mint 2 millió mintát gyűjtöttek össze és dolgoztak fel a járvány kezdete óta.

Az adatbázis tartalmazza minden megszekvenált minta esetében a genomban előforduló mutációkat (módosulásokat) és azok előfordulási arányát is az adott mintát alkotó, tehát egy betegtől származó víruspopulációban. Ez azért is fontos lehet, mert a vírus evolúciója során az újonnan megjelenő mutációk gyakran először csak kis arányban vannak jelen (1a. ábra), de a következő generációkban elterjedhetnek, ha a mutáció előnyös a vírus számára. Az előfordulási arányokból (ún. allélfrekvencia értékekből) következtethetünk arra is, hogy egy mintában egyszerre több ismert variáns (pl. Alfa, Delta, Omikron stb.) is jelen van-e. Ha egy egyén egyszerre több variánssal is megfertőződik (koinfekció, 1b. ábra), az ugyan nem minden esetben, de okozhat súlyosabb tüneteket is, valamint **a két variáns kombinációjából létrejöhet egy harmadik, ún. "rekombináns" vírusvariáns.**

Az adatokat a kutatók **Pipek Orsolya Anna** és **Medgyes-Horváth Anna** vezetésével elemezték, az elemzést különlegessé teszi, hogy korábban csak néhány országban, néhány ezer minta bevonásával folytattak ilyen jellegű kutatást, világszinten és ilyen sok mintát együttesen azonban most először vizsgáltak.

A SARS-CoV-2 koronavírus variánsai mind eltérő genetikai állománnyal (szekvenciával) rendelkeznek, a kezdeti Wuhanban megjelent változathoz képest az elterjedt variánsok esetében több olyan egyedien jellemző (definiáló) mutáció fordul elő, ami más variánsokban nem. A kutatók ezeket a definiáló mutáció kombinációkat vizsgálták az Európai Covid-19 Adatportál szekvenciáiban, és keresték azokat a mintákat, amelyekben kis arányban is akár, de több variáns definiáló mutációi is előfordulnak.

A minták 0,35 százalékában (összesen 7700 esetben) találták meg egyszerre legalább két variáns jellemző mintázatait, a legtöbb esetben a Delta és az Omikron variánsok keveredtek egy mintán belül. Az egyidejű fertőzésekhez elengedhetetlen, hogy egyszerre több variáns is terjedjen a társadalomban, ez figyelhető meg a Delta és Omikron variánsok esetében 2021 vége és 2022 eleje között (1c. ábra). Ezek az koinfekciók kiemelkedően gyakoriak voltak Dél-Afrikában, ahol a HIV vírus okozta AIDS megbetegedések száma magas, ami megfelelő kezelés hiányában immunhiányos állapotot eredményez, és elhúzódó fertőzéseket okozhat. Egy ilyen elhúzódó fertőzés vezethetett például az Omikron variáns megjelenéséhez is: **a hosszú fertőzés során az eddigi variánsokhoz képest jóval több mutáció következett be**, létrehozva egy sokkal fertőzőképesebb változatot.

A hosszan elhúzódó esetek növelik a valószínűségét a koinfekciónak is, hiszen a hosszú ideig tartó

lefolyásuk alatt könnyebben előfordulhat, hogy a beteg találkozik másik vírusvariánssal és elkapja azt. A legyengült immunrendszer ezen felül kedvez a vírus gyors szaporodásának is, ami növeli a rekombináció (genomi keveredés) valószínűségét, hiszen ez legnagyobb eséllyel úgy történik meg, hogy a vírus genetikai állományának másolása során (tehát szaporodás folyamán) véletlenül az egyik variáns genomjáról a másikra „ugrik”, létrehozva ezzel egy vegyes, hibrid genomot.

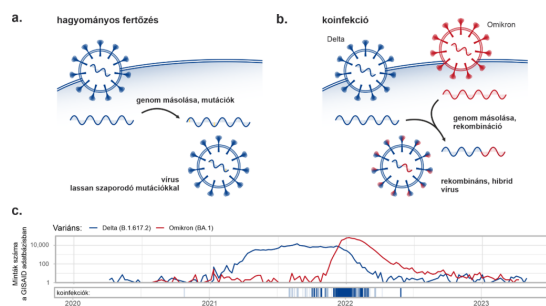
A kutatás célja volt az is, hogy megvizsgálják, végbement-e a rekombináció azokban a mintákban, amelyekben egyszerre több variáns is jelen van. Az ilyen jellegű vizsgálatokat azonban számos technikai nehézség hátráltatja. Először is a rekombináns verzió genomját (vagy annak részletét) a mintát alkotó víruspopuláció csak nagyon kis arányban tartalmazza, ami nagyban nehezíti a detektálását. További kihívást jelentett, hogy a genomszekvenálás során alkalmazott polimeráz-láncreakció (PCR) során véletlenszerűen keletkező, ún. "kiméra" szekvenciák jöhetnek létre, amelyek gyakorlatilag megkülönböztethetetlenek a valódi, a beteg szervezetében spontán megjelenő rekombináns szekvenciáktól. Nehézséget okozott az is, hogy a genom kevésbé mutált (variábilis) szakaszait érintő rekombinációs töréspontok gyakran kimutathatatlanok, mivel a különböző variánsok definiáló mutációi a genom mentén nem egyenletesen helyezkednek el (többségük például a vakcinagyártásban is használt tüskefehérjét kódoló részen).

A kutatók két eljárást fejlesztettek ki, amelyek ezeket a körülményeket figyelembe véve tudják a rekombinációt detektálni, és sikerült a Delta-Omikron koinfekciók esetében három olyan régiót is azonosítani, ahol gyakran történhet rekombináció. Az eredmény hozzájárulhat ahhoz, hogy az esetlegesen veszélyes, hibrid vírusokat még az elterjedésük előtt detektálhassák.

A kutatás az Európai Unió Horizon 2020 kutatási és innovációs program keretében a 874735 (VEO) és a 101046203 (BY-COVID) számú pályázatokból valósult meg, az elemzés a [Nature Communications folyóiratban jelent meg.](#)

Sajtókapcsolat:

- [kommunikacio@elte.hu](mailto:kommunikacio@elte.hu)



© ELTE

1a. Hagyományos megfertőződés esetén a vírus genetikai állományának másolása során szert tehet ugyan néhány mutációra, ezek eredményeként azonban egy nagyon hasonló, kevés módosulást tartalmazó vírusvariáns jön létre. 1b. Koinfekciókor a két variáns genomja másolás során összekeveredhet, rekombinálódhat, egy teljesen új, hibrid vírust hozva létre. 1c. A Delta és Omikron fertőzések számának alakulása (fent) a koinfekciókkal együtt ábrázolva (lent).

Eredeti tartalom: Eötvös Loránd Tudományegyetem

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/10544/az-egyidoben-terjedo-sars-cov-2-variantsok-kockazatai/>