GC-01. La genética poblacional y evolutiva del SARS-CoV-2

Fernando González-Candelas [a,b,c], Mireia Coscollá [a,b], Iñaki Comas [c,d], Consorcio SeqCOVID-España

[a]Unidad Mixta Infección y Salud Pública FISABIO-Universidad de Valencia, Valencia, Spain. [b]Instituto de Biología Integrativa de Sistemas I2SysBio (CSIC-UV), Valencia, Spain.. [c]CIBER en Epidemiología y Salud Pública, Madrid, Spain. [d]Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC), Valencia, Spain.

Tras más de un año de pandemia de COVID-19, el estudio de la secuencia genómica del SARS-CoV-2 no ha dejado de tener un merecido protagonismo. En España, la mayoría de las secuencias del virus se han obtenido por el consorcio SeqCOVID, en el que participan más de 70 hospitales y centros de investigación. Al igual que otros consorcios y grupos de investigación, los resultados se hacen disponibles casi inmediatamente para la comunidad científica en la plataforma GISAID, en la que ya hay más de 1 millón de secuencias disponibles. Lo que en principio parecía un ejercicio meramente académico, se ha convertido en los últimos meses en una de las piezas fundamentales para el control de la epidemia. La vigilancia genómica se ha adoptado por organismos internacionales y nacionales como herramienta esencial para el control de las variantes y mutaciones, de los posibles escapes vacunales, o la confirmación de reinfecciones. Pero la información genómica también permite otras aplicaciones que nos ayudan a entender los procesos evolutivos que actúan sobre las poblaciones del virus. En esta comunicación, expondremos cómo la deriva, la migración, la expansión poblacional y, finalmente, la selección natural han ido moldeando la naturaleza y distribución de las diferentes variantes del SARS-CoV-2 que se han detectado en nuestro país.