

세미나 초록

발표주제	COVID-19 유전체 분석
발표내용	<p>WHO가 작년 12월 말에 정식으로 COVID-19에 대해서 발표가 있고 난 이후 1월 10일 중국 우한시에서 처음 SARS-CoV-2 레퍼런스 게놈 서열이 해독되어 진뱅크에 공개되고 난 이후에 많은 바이러스 게놈 연구자들이 이 게놈 데이터를 통해 조작 및 변종 발생 가능성에 대해서 분석을 진행하고 있습니다.</p> <p>특정 박쥐와 천산갑을 숙주로 하는 SARS-CoV들끼리 너무 게놈 상동성이 높아 특정 유전자 영역에서 서로 재조합이 자주 일어났으며 그렇게 시간이 지나오면서 하지만 길지 않은 기간 동안 발생한 아주 강한 선택압(selection pressure)을 통해 사람한테까지 강하게 전염이 되는 새로운 변종이 나왔을 것이라는 바이러스 게놈 분석을 통한 과학적 근거를 제시하고 있습니다.</p> <p>CoV-2는 여러 다른 RNA 바이러스보다는 돌연변이 발생 속도는 조금 느립니다.</p> <p>대략 게놈 사이즈 대비 독감 바이러스보다는 약 2배 느리고 HIV 바이러스보다는 약 4배 느리게 돌연변이가 발생합니다.</p> <p>이외에도 바이러스와 호스트 유전체 분석을 통해 변종 모니터링 및 감염경로 추적 그리고 더 나아가 환자의 중증도를 분류할 수 있는 바이오마커 개발까지도 가능하며 이러한 시도를 많은 연구자들이 진행 중에 있습니다.</p>