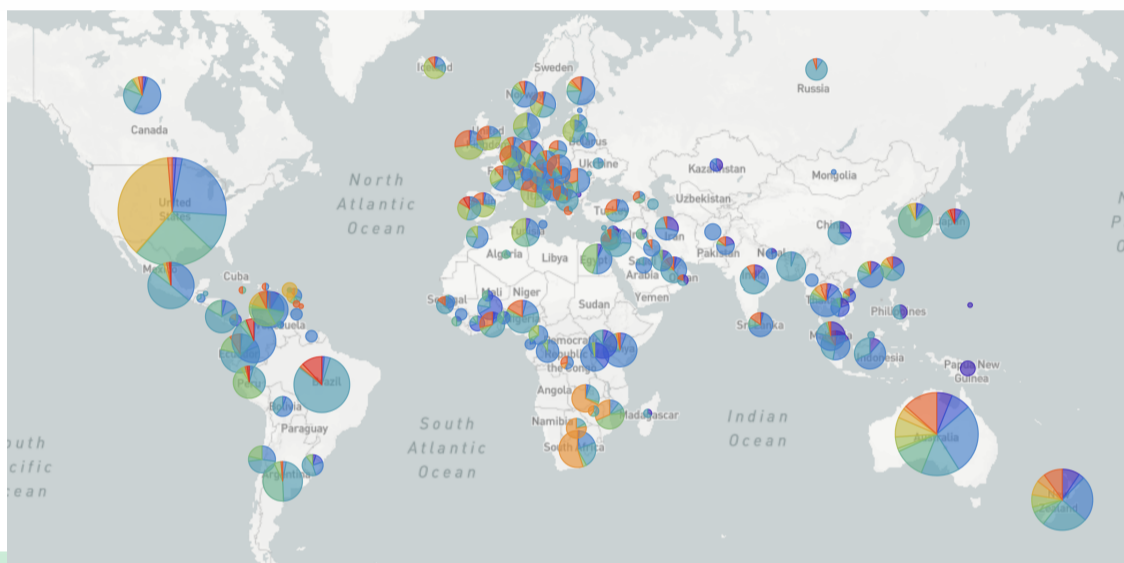
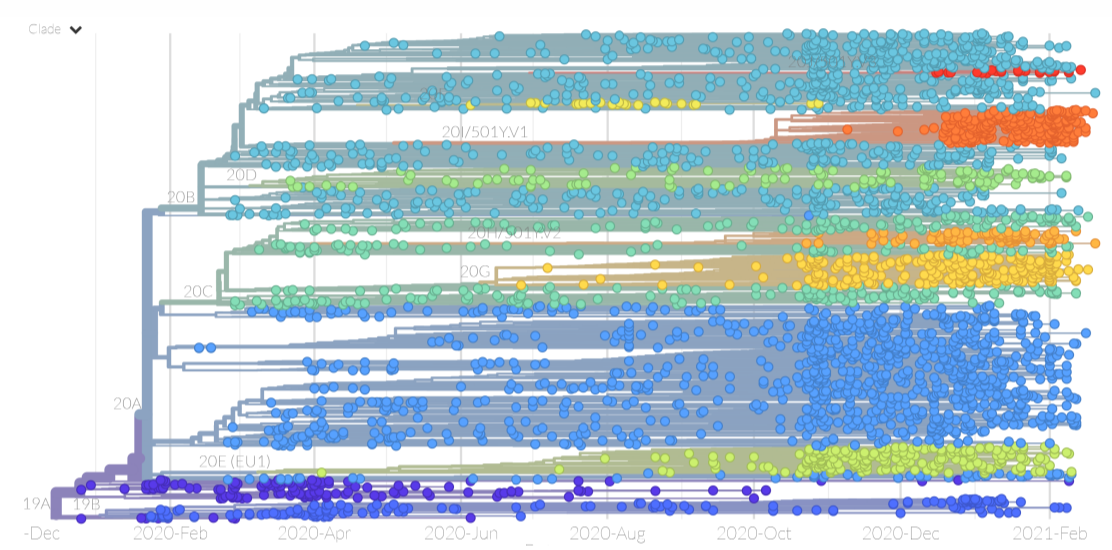


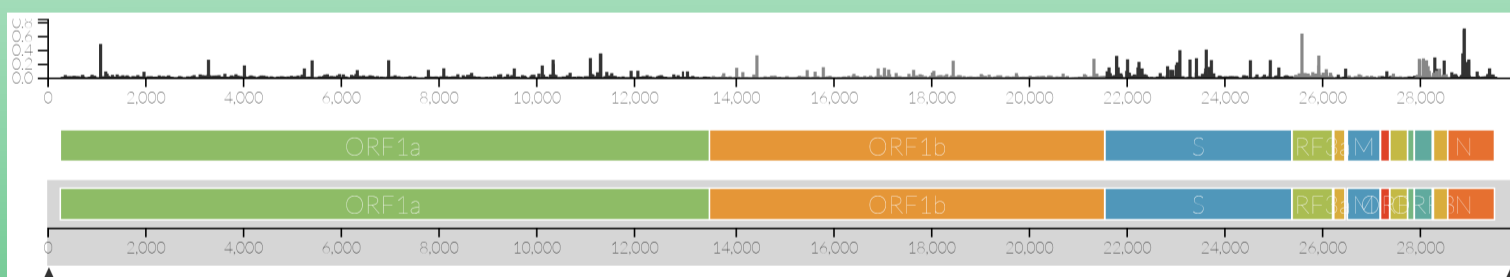
Anàlisi filogenètics

Cada partícula vírica de SARS-CoV-2 té un genoma de poc menys de 30000 parells de bases. Aquests genomes són pràcticament iguals entre ells, però existeixen petites variacions. A mesura els virus es repliquen es produeixen mutacions esporàdiques que s'acumulen en els diferents llinatges. Aquestes diferències en el genoma aporten informació sobre la propagació i l'evolució del virus. El conjunt de genomes que es van seqüenciant als laboratoris d'arreu s'analitzen amb models matemàtics i estadístics, la qual cosa permet inferir les relacions filogenètiques entre les diferents variants del virus i determinar l'efecte de la selecció natural en cada una d'elles.

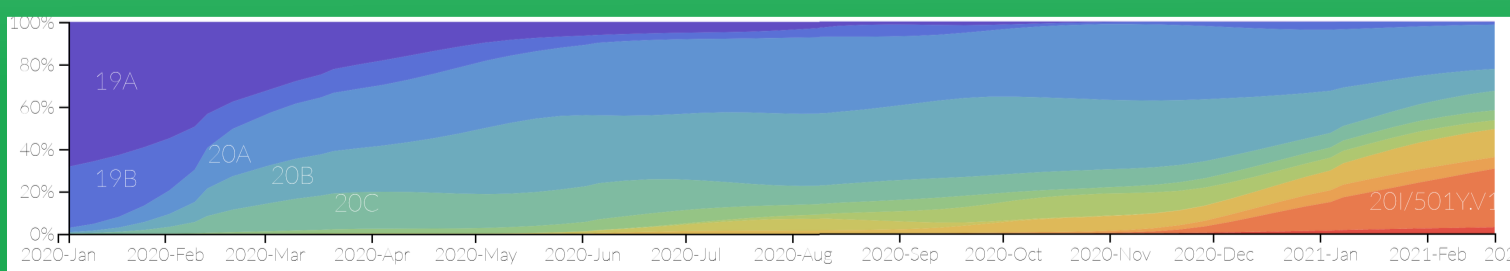


Filogenia de genomes del SARS-CoV-2 seqüenciats durant la pandèmia. Les diferents variants s'agrupen d'acord amb les relacions filogenètiques que presenten.

Distribució geogràfica de les diferents variants del virus.



Anàlisi de la diversitat dels diferents genomes del SARS-CoV-2. Cada barra vertical indica com de variable és l'aminoàcid codificat en aquella posició del genoma entre els diferents virus analitzats. Les regions del genoma més conservades, menys diverses, solen codificar aminoàcids clau per la integritat estructural i funcional del virus. No és, per tant, que no es produeixin mutacions en aquestes regions sinó que quan ocorren el virus no es pot replicar satisfactòriament i la mutació no es propaga. Entre les regions més diverses s'observa la que codifica les espícules que es troben a la superfície del virus, proteïnes que participen en la unió del virus a la cèl·lula hoste.



Dinàmica de les freqüències relatives de les diferents variants al llarg de la pandèmia.