



خلاصه ای بر ژنتیک ویروس کووید ۱۹ (SARS-CoV-2) با تکیه بر مقایسه بتاویروس‌ها

سید مرتضی جوادى راد^۱

۱- استادیار گروه زیست شناسی سلولی مولکولی و میکروبیولوژی، دانشکده علوم و فناوری های زیستی، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران.
کد ارکید: ۲۲۹۳-۲۸۹۱-۰۰۰۲-۰۰۰۰. آدرس ایمیل: javadirad@yahoo.com

چکیده

بیان مساله: کووید ۱۹ (COVI D-۱۹) با شیوع یک فرم غیرمعمول از ذات الریه ویروسی در شهر ووهان چین آغاز شده و سپس به همه گیری جهانی ختم شد. از آنجاکه ساختار ژنتیکی و فنوتیپ کووید ۱۹ نقش بسیار مهمی در بیماری زایی این ویروس دارد، به بررسی مهمترین ویژگیهای ویروس جدید می پردازیم. هدف پژوهش: مقایسه ژنتیکی ویروس SARS-CoV-2 با سایر ویروس های جنس بتا-کروناویروس

یافته ها و نتیجه گیری: بر اساس روابط فیلوژنتیکی و ساختارهای ژنومی، این ویروس متعلق به جنس بتا-کروناویروس (Betacoronavirus) است. بتاکروناویروس های انسانی شامل SARS-CoV، SARS-CoV-2 و MERS-CoV هستند که البته شباهت های زیادی با هم دارند؛ اما تفاوت های موجود در ژنوم و فنوتیپ آنها، می تواند تأثیری مستقیم بر بیماری زایی واریته های کووید داشته باشد. کووید ۱۹ حاوی یک مولکول RNA تک رشته مثبت است که البته با یک نوکلئوپروتئین در کپسید ویروس در ارتباط است. یک کووید معمولی حداقل شش ORF در ژنوم خود دارد و سایر پروتئین های مورد نیاز ویروس، از طریق مولکول های sgrNA کووید تولید می شوند. چهار پروتئین ساختاری اصلی کووید توسط ORF های شماره ۱۰ و ۱۱ کدگذاری می شوند.

کلید واژه ها: کووید ۱۹، ژنتیک، بتاویروس



A summary of the genetics of the COVID virus 19 (SARS-CoV-2) based on a comparison of beta viruses

Seyed Morteza Javadi Rad¹

1- Assistant Professor, Department of Molecular Cell Biology and Microbiology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran. ORCID: 2293-2891-0002-0000.

Email: javadirad@yahoo.com

Abstract

Statement of Problem: COVID-19 started with an unusual form of viral pneumonia in Wuhan, China, and then it all ended globally. Since the genetic structure and phenotype of COVID-19 play a very important role in the pathogenicity of this virus, we examine the important features of the new traits.

Research Purpose: Genetic comparison of SARS-CoV-2 virus with other genus of beta-coronaviruses.

Results and Conclusion: Based on phylogenetic relationships and genomic structures, this virus belongs to the genus Betacoronavirus. Human beta-coronaviruses include SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-CoV, which have many similarities; But differences in their genomes and phenotypes can have a direct impact on the pathogenicity of Quid varieties. Covid 19 contains a positive single-stranded RNA molecule that is, of course, bound to a nucleoprotein in the capsid. A typical Covid has at least six ORFs in its genome, and other required products are produced by Covid sgRNA molecules. The four main structural cultures of Quid are encoded by ORFs 10 and 11.

Keywords: COVID-19 , Genetics, BetaVirus.