SARS-CoV-2 вирусын түгээмэл илэрч буй мутациуд

Ө.Хулан[1], М.Халиун[1], М.Батхишиг[1], Э.Билгүүн[1], Т.Балжинням[1], Б.Батчимэг[1], Б.Мөнхцэцэг[1], Г.Оюунгэрэл[1], Б.Чимэглхам[1], Л.Тулгаа[1], Л.Энхсайхан[2], Ц.Билэгтсайхан[1,3], С.Мөнхбаяр[1], Б.Мөнхбат[1,2], Н.Мөнхтүвшин[1]

[1]Т.Шагдарсүрэнгийн нэрэмжит Анагаах Ухааны Хүрээлэн
[2]Анагаахын Шинжлэх Ухааны Үндэсний Их Сургууль
[3]Улсын Хоёрдугаар Төв Эмнэлэг
Цахим хаяг: khulan.ims@mnums.edu.mn, Утас: 80018631

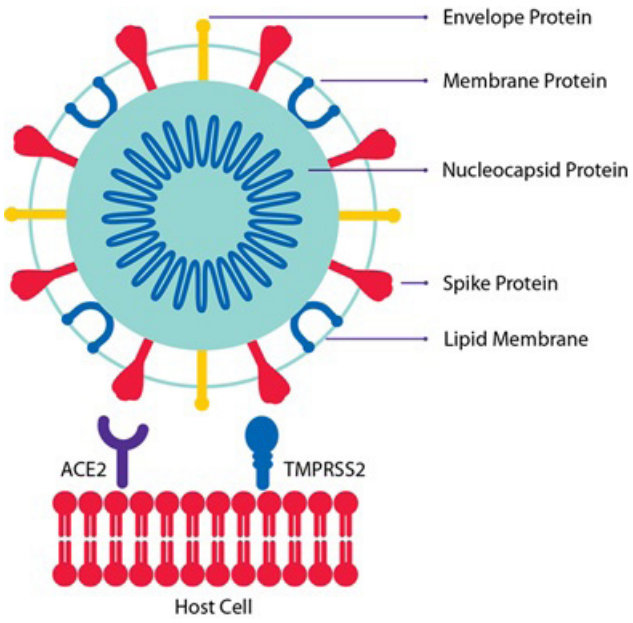
Түлхүүр үг:
КОВИД-19
Шугамын омог
Геном
Сэртэнт уураг

Товч утга: Амьсгалын замын цочмог хамшинжийг үүсгэгч коронавирусээр (SARS-CoV-2) үүсгэгдсэн КОВИД-19 өвчний (COVID-19) халдварын цар тахал нь Хятадын Хубей мужийн Ухань хотод 2019 оны 12 сард анх дэгдсэн. *SARS-CoV-2* нь Betacoronavirus-ийн бүлэгт хамаарагддаг бөгөөд генийн болон фенотипийн бүтцээрээ *SARS-CoV*-79.5% гомологи, *MERS-CoV*-50% гомологи буюу ижил байна. 2019 оны сүүлээс КОВИД-19 өвчний халдварын тархалт дэлхий даяар хяналтгүй тархсан ба энэ нь вирусын шинэ мутаци үүсэх цаашлаад илүү хор хөнөөлтэй болон эмчилгээнд тэсвэртэй вирусын омог үүсэх нөхцөлийг бүрдүүлж байна. Вирусын омог тогтвортойгоор мутацид орсноор дэлхий даяар вирусын шинэ мутацийн омог тархаж эхэлсэн байна. *SARS-CoV-2*-ийн шинэ хувилбар нь бусад вирусын хувилбарыг бодвол хурдан, хялбар тархаж байгаа нь уг өвчний халдварын тохиолдлыг ихсэхэд хүргэж байна. *SARS-CoV-2* олон тооны хувилбарууд дэлхийн дахинд тархсаар байна. 2020 оны намар Англи улсад B.1.1.7 гэх шинэ мутаци бүхий том хувилбар гарч ирэв. Энэ шинэ хувилбар нь дэлхийн маш олон оронд илэрсэн. Өмнөд Африкт B.1.351 гэж нэрлэгдэх өөр нэг хувилбар гарсан бөгөөд энэ нь B.1.1.7 хамааралгүйгээр үүссэн байна. Энэ хувилбар нь зарим B.1.1.7 агуулсан мутацид оролцдог. Бразилд гарсан P.1 хувилбар нь 17 төрлийн мутаци агуулдаг түүнчлэн сэртэнт уураг нь рецептор холбогдох 3 домэйнийг агуулдаг. Шинэ мутаци ба шинэ хувилбар нь өвөрмөц оношилгооны шинжилгээгээр илрүүлэхээс зайлсхийх чадвар нь хүмүүст халдвар илүү хурдан тархах, хүнд өвчин үүсгэх зэрэг үр дагавартай байна.

Үндэслэл: 2019 оны сүүлээр Хятадын Ухань хотод анх бүртгэгдсэн шинэ титэмт вирусын халдварын дэгдэлт нь вирусын гаралтай энгийн бус уушгины хатгалгаагаар илэрч эхэлсэнтэй холбоотойгоор энэхүү цар тахлын дэгдэлтийг *2019-nCoV/КОВИД-19 (2019-novel Corona virus)* гэж нэрлэсэн. Филогенезийн хамаарал болон геномын бүтэц дээр үндэслэн КОВИД-19 өвчний үүсгэгчийг Betacoronavirus (бета титэмт вирус)-ийн төрөлд багтааж 2020 оны 01 сарын 13-ны өдөр NC_041512 дугаартай, Wuhan-1-hu нэртэйгээр Генийн санд бүртгэн уг вирусыг *SARS-CoV-2* гэж нэрлэжээ[1].

SARS-CoV-2 вирусын гарал үүсэл одоо хүртэл бүрэн тодорхой болоогүй байгаа бөгөөд анхны тохиолдол далайн гаралтай бүтээгдэхүүн борлуулдаг захтай холбоотой байсан учир амьтнаас хүнд халдварласан зоонозын халдвар гэж таамаглаж байв[2]. Түүнчлэн сарьсан багваахай болон панголиныг уг вирусын тээгч эсвэл дамжуулагч байх магадлалтай гэж үзэж байгаа боловч цаашид нарийн судалгаа шинжилгээ хийх шаардлагатай байна[3,4].

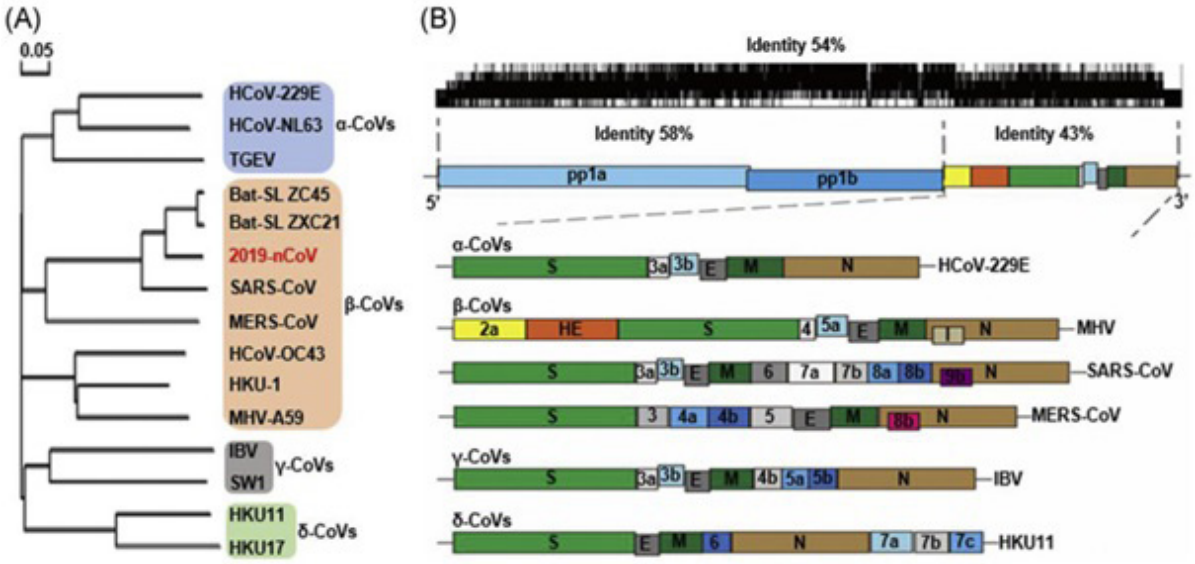
SARS-CoV-2 вирусын РНХ-ийн геномын дараалал, түүний бүтцийн хэсгүүдийг анх George Taiaroa болон түүний судалгааны баг тодорхойлсон. *SARS-CoV-2* нь дугараг хэлбэртэй, капсид дотроо РНХ (эерэг) холбоот нуклеопротеин агуулсан, бүрхүүл нь дохиур хэлбэрийн (club-shaped) гликопротеины цацрагаас тогтдог[5] (Зураг 1).



Зураг 1. SARS-CoV-2 вирусын бүтэц

SARS-CoV-2 нь гадаргуугийн гликопротеин уураг буюу сэртэнт уураг Зураг 1. SARS-CoV-2 вирусын бүтэц (Spike), бүрхүүлийн уураг (Envelope), мембраны уураг (Membrane), нуклеокапсид уураг (Nucleocapsid) гэсэн 4 үндсэн уургийг агуулдаг[6].

Генетикийн хувьд *SARS-CoV-2* нь бусад титэмт вирус болох *SARS-CoV* (SARS-амьсгалын замын хүнд явцтай цочмог хам шинжийн вирус)-ээс 79% ялгаатай бол *MERS-CoV* (Ойрх Дорнодын амьсгалын хам шинжийн вирус)-ээс 50%-ийн ялгаатай байна[7]. Титэмт вирус нь бусад РНХ агуулсан вирустэй харьцуулахад хамгийн том геномтой (26.4-31.7 кб) ба гуанин+цитозин агууламжийн харьцаа нь 32-43%-ийн завсар олон тооны ORF (Open reading frame-нээлттэй уншигдах хүрээ) генүүдийн (ORF1ab, spike, envelope, membrane and nucleo-capsid) хооронд байрласан байдаг. Титэмт вирусын геномын онцлог шинжийн нэг болох гадаргуугийн гликопротеин нь өвөрмөц N-terminal фрагмент агуулдаг. Бүх титэмт вирусын бүтцийн гол уургуудын ген нь 5’-3’ чиглэлд S (Spike), E (Envelope), M (Membrane) болон N5 (Nucleocapsid) гэсэн дараалалтай байдаг[8] (Зураг 2).



Зураг 2. Коронавирусын геномын бүтэц болон филогенезийн мөчирлөл

Тайлбар: А, Титэмт вирусын мутацийн төлөөллүүдийн филогенезийн мөчирлөл шинэ коронавирус (*SARS-CoV-2*)-ыг улаанаар тэмдэглэв. В, Дөрвөн зүйлийн коронавирусын бүтэц: pp1a, pp1b бол бүтцийн бус 16 уургийг кодолдог хоёр урт полипептид. S, E, M болон N нь бүтцийн 4 уураг болох сэртэнт, бүрхүүлийн, мембраны, нуклеокапсидын уургуудын тэмдэглэгээ юм.

Товч үгийн түлхүүр: *COVID-19; CoVs,* coronavirus; HE, hemagglutinin-esterase. HKU, coronaviruses identified by Hong Kong University; HCoV, human coronavirus; IBV, infectious bronchitis virus; MHV, murine hepatitis virus; TGEV, transmissible gastroenteritis virus

***SARS-CoV-2* вирусын мутаци:** Вирусын эсрэг эмчилгээ болон хүн амд вирусын тархалт ихсэх тусам хоруу чанар өндөр, эмчилгээнд тэсвэртэй, шинэ мутаци үүсэх нөхцөл болдог гэж судлаачид үзэж байна[9]. Түүнчлэн зарим улс оронд халдварын тархалтыг хязгаарлаж чадаагүйн улмаас вирусын шинэ шугамын омгууд үүсэхэд хүргэсэн гэж дүгнэжээ[10]. Тиймээс өвчтний мэдээлэл, хүн ам зүйн болон вирусын омгийн мэдээллийг системтэйгээр судлан тогтоох нь КОВИД-19 өвчний эсрэг үр дүнтэй тэмцэхэд зайлшгүй шаардлагатай юм.

Takahiko Koyama, Daniel Platta нарын судалгаагаар геномын санд бүртгэлтэй 68 улсын, 10022 дараалыг (*SARS-CoV-2*) үндсэн жишиг геном NC_045512-ын дараалалтай харьцуулан судалжээ. Уг судалгааны хүрээнд нийт 65776 хувилбар (variant) тодорхойлогдсоноос ялгамжтай хувилбар 5775 байжээ. *Ялгамжтай илэрсэн хувилбар дотор:* Цэгэн (missense) мутаци-2969 (мутацийн 1905 нь *SARS-CoV-2* вирусын геномын 2/3-ыг кодлодог *ORF1ab* хэсэгт илэрсэн), адил төрхт (Synonymous) мутаци-1965, уураг кодлодоггүй хэсгийн мутаци-484, уураг кодлодоггүй хэсгийн гээгдэл (делец)-142, хүрээ доторхи гээгдэл (in-frame делец)-100, уураг кодлодоггүй хэсгийн шигдэл (инсерц)-66, богиносол мутаци (Stop-gain мутаци)-36, унших дараалын гээгдэл (Frameshift) делец-11, хүрээ доторх шигдэл (in-frame инсерц)-2 байна.

Түгээмэл илэрсэн хувилбар дотор: 3037C>T адил төрхт (Synonymous) мутаци (6334 сорьцонд), 14408C>T цэгэн (missense) мутаци (6319 сорьцонд), 23403A>G

цэгэн (missense) мутаци (6294 сорьцонд) зэрэг тус тус илэрчээ. Европ болон Америкийн 3000 гаруй тохиолдолд эдгээр 3 хувилбар нь нэгэн зэрэг илэрсэн. Хамгийн түгээмэл ажиглагдсан мутаци нь цитозин>тимин байсан бол транзит (пурины суурь пуринаар, пиримидины суурь пиримидинээр солигдох): трансверс (пурин болон пиримидины сууриуд хоорондоо солигдох)-ын харьцаа 7:3 гэж тодорхойлогджээ[11].

Сэртэнт (S) уураг илэрсэн мутаци: Сэртэнт (S) уураг 427 мутаци үүссэнээс ихэнх нь хам тосуул (рецептор) холбох домен (RBD) болон B эсэд танигдах хэсэгт илэрсэн. Рецептор холбох домен дэх мутаци дундаас V483A (26 тохиолдол), G476S (9 тохиолдол) болон V367F (12 тохиолдол) мутацийн илрэх давтамж өндөр байжээ. V483A болон G476S мутаци АНУ-д бүртгэгдсэн бол V367F мутаци нь Хятад, Хонгконг, Франц, Недерландаас бүртгэгдсэн тохиолдлуудад тодорхойлогдсон. V367F болон D364Y мутаци сэртэнт (S) уургийг ACE2 рецептортой холбогдох авцаал чанарыг нэмэгдүүлдэг[12].

Takahiko Koyama, Daniel Platta нарын судалгаанд ашигласан 10022 геномын санд амин хүчлийн дарааллын өөрчлөлтөөр нь D614G, L84S, L3606F, D448del болон G392D мутациуд хамгийн түгээмэл илэрч байв. D614G (A23403 G) мутаци нь GAU>GGU гэх кодон дээр байрлаж буй аденины нуклеотид гуанинаар солигдсоноор үүссэн цэгэн мутаци юм. Энэ мутацийн үр дүнд тухайн вирусын эзэн эсийн гадаргуугийн ACE2 рецептортой холбогдох авцаал чанар нэмэгдэн улмаар вирусын халдварлах чадварыг нэмэгдүүлсэнээр вирусын тархалт улам ихсэхэд нөлөөлж байна. D614G мутаци нь репликацид чухал үүрэгтэй, уургийн хэсэгт (ORF1abP4715L;RdRp P323L) адил мутаци агуулсан нь вирусын репликацийн хурдад нөлөөлж болох юм[13].

Сүүлийн үед зонхилон илэрч байгаа *SARS-CoV-2* вирусын шинэ хувилбарууд:

1. B.1.1.7-ийн шугамын омог (lineage) (20I/501Y.V1)

VOC 202012/01 (Variant of Concern): Өвчнийг хянах, урьдчилан сэргийлэх төв (CDC-Centers for Disease Control and Prevention)-ийн 2021 оны 3 сарын 24-ний өдрийн мэдээнд нийтэлсэн B.1.1.7 шугамын омог нь 2020 оны 9 сард (Англи) тодорхойлогдсоноос хойш 30 орчим улсад тархаад байна. Уг шугаманд нийтдээ 8 төрлийн мутаци (Δ69/70, Δ144Y, E484K*, S494P*, N501Y, A570D, D614G, P681H) тодорхойлогдсон. Энэ шугаманд гарсан өөрчлөлтүүд ихэнхдээ сэртэнт уураг гарсан бөгөөд вирус нь эзэн эсэд нэвтрэн орох замыг хялбаршуулж байсан бол Бразил, Токио, Өмнөд Африк зэрэг газруудад хийсэн тандалт судалгааны полимеразын гинжин урвалын (PCR) шинжилгээнд хуурамч сөрөг хариу өгөх тохиолдлууд бүртгэгдэж байжээ. Эдгээрээс N501Y (сэртэнт уургийн рецептортой холбогдох домены 501 байрлал дахь аспарагин нь тирозиноор солигдох) мутаци нь анх 2020 оны 4 сард Бразил, 6, 7 дугаар сард Австралид тодорхойлогдсон. Харин Δ69/70 мутаци (сэртэнт уургийн гистидин болон валиныг кодлосон 69, 70-р байрлалд 6 суурийн делеци) нь 2020 оны 3 сард Словен, 1 сард Тайланд, 2 сард Герман, 10, 11 сард Их Британ, 11 сард Данид тус тус бүртгэгдсэн ба эдгээр нь B.1.1.7 шугамын омгийн үндсэн шинжийг тодорхойлох мутациуд гэж үзэж байна[14].

B.1.1.7 нь вакцины үр нөлөөг болон нэг язгуурын (моноклон) эсрэг биеийн саармагжуулах урвалыг бууруулах чадамж бага, харин халдварлах чадвар 50% нэмэгдүүлдэг гэж үзжээ. 2021 оны 3 дугаар сарын 10-ны өдрийн байдлаар Англид B.1.1.7 шугамын батлагдсан тохиолдол 109093, нас баралт 2858 (2,6%) байсан бөгөөд бусад хувилбаруудтай харьцуулахад халдварлах чадвар өндөр байжээ[15].

B.1.1.7 шугамын бусад хавсарсан мутаци болох E484K болон S494P хэлбэрийн үед сэртэнт уургийн ACE2 рецептортой холбогдох авцаал чанарыг нэмэгдүүлж, нэг язгуурын (моноклон) эсрэг биеийн холбогдох үйл явцыг саармагжуулдаг бөгөөд Англи улсад 2021 оны 2 сарын 2-ноос 2021 оны 3 сарын 10-нд 135.310 тохиолдлын дараалал тогтооход 65 бүртгэгджээ.

2. B.1.351 шугамын омог (20H/501Y.V2): Энэ шугам нь сэртэнт (S) уургийн K417N, E484K, N501Y зэрэг олон төрлийн мутациар илэрдэг бөгөөд анх Өмнөд Африкт бүртгэгдсэн. Их Британид илэрсэн B.1.1.7 шугамаас 69/70 дахь амин хүчил нь гээгдэлд (делецид) ороогүйгээр ялгаатай юм. B.1.351 хэлбэрийн үед сэртэнт (S) уургийн ACE2 рецепторт холбогдох чадварыг нэмэгдүүлэхээс гадна эсрэг биеийн саармагжуулах урвалыг саатуулдаг. 2021 оны 3 сарын 10-ны байдлаар 46 улсад бүртгэгдээд байгаа бөгөөд Англид B.1.351 хувилбарын батлагдсан тохиолдол 266, нас баралт 6 (2.3%) байна[16].

3. P.1 шугамын омог (20J/501Y.V3): P.1 шугаман омог нь анх Японы Ханеда нисэх онгоцны буудал дээрх *SARS-CoV-2* вирусыг илрүүлэх шинжилгээний явцад илэрсэн ба B.1.1.28 мутациас үүсэлтэй шинэ хувилбар юм. P.1 хувилбар нь сэртэнт (S) уургийн рецепторыг холбох домен дээрх K417T, E484K, N501Y гурван мутациас бүрдэнэ. Сүүлийн үеийн судалгаагаар Амазоны бүс нутгийн хамгийн том хот болох Манаусд 12 дугаар сарын сүүлээр хийсэн шинжилгээний 42%-д P.1 хувилбарыг илрүүлсэн талаар мэдээлсэн байна. P.1 хувилбарын вакцины үр нөлөөг болон нэг язгуурт (моноклон) эсрэг биеийн саармагжуулах урвалыг бууруулах чадамж дунд зэрэг байгааг судалгаагаар тогтоожээ[16].

Зонхилон тохиолдож буй дээрх хувилбаруудаас гадна 2020 оны 4 дүгээр сард Бразилд P2 шугамын омог, 11 сард B.1.526 20C шугам, Англид 2021 оны 2 сард E484K мутаци хавсарсан A.23.1 шугам, B.1.525 шугамын хэлбэрүүд, 3 сард E484K мутаци хавсарсан B.1.1.318, B.1.324.1 шугам, B.1.427 20C/S:452R, B.1.429 20C/S:452R зэрэг хувилбарууд тодорхойлогджээ. Эдгээр хувилбарууд нь хоорондоо сэртэнт (S) уураг дахь мутаци, гээгдэл (делеци), шигдэл (инсерц) болон вирусын халдвар дамжуулах чадвараараа тус бүр ялгаатай юм. P2, B.1.427 20C/S:452R, B.1.525 20C шугамын хувилбарууд нь нэг язгуурт (моноклон) эсрэг биеийн эмчилгээний үр дүнг саармагжуулах, эмчилгээний дараа болон вакцины дараах үр дүнг саармагжуулдаг, вирусын тархах хурд нэмэгдэж байна[14-16].

Тулгамдаж буй асуудал: Халдвар удаан хугацаанд цар тахлын хэмжээнд олон оронд тархах, улмаар вирусын шинэ мутаци, шинэ хувилбарууд үүсэх нь цаашид дараах сөрөг үр дагавар дагуулах эрсдэлтэй байна. Үүнд:

- Халдварлах чадамж ихсэх: *SARS-CoV-2* вирусын сэртэнт (S) уурагт гарсан G614 мутацийн in-vitro орчинд эсэд халдварлах чадамж D614 мутаци бүхий шугамын омгоос илүү нэмэгдсэн байна[17]. Түүнчлэн ErikVolz нарын Англид хийсэн судалгаагаар хүн амын дунд тархсан *SARS-CoV-2* вирусын геномын судалгаанд G614 мутаци илүү богино хугацаанд, хурдацтайгаар ялангуяа залуу хүмүүст ихээр тархсан байна[18]. Харин B.1.1.7 хувилбар нь Европын бусад орнуудад тархсан хугацаа, хурд зэргийг төрөл бүрийн статистик загварчлал хийж үзэхэд вирусын энэхүү хувилбар хүнээс хүнд халдварлах чадвар илүү өндөр байгаа дүн гарчээ.
- Өвчний эмнэл зүйн явцад өөрчлөлт орох: 2020 оны 10 сараас 2021 оны 02 сар хүртэл нийт 54906 тохиолдолд хийсэн дагах судалгаагаар халдвар оношлогдсоноос хойш 28 хоног доторх нас баралтын түвшинг судлахад B.1.1.7 хувилбарын халдварын үед илүү хүнд явцтай, нас баралт өндөр хувьтай байна[19].
- Оношилгооны чадамж, мэдрэг чанар буурах: *SARS-CoV-2* вирусыг илрүүлэх полимеразийн гинжин урвалын шинжилгээний арга нь вирусын уургуудын геномын дараалалд тулгуурсан шинжилгээний арга бөгөөд вирус өргөн хүрээнд тархаж мутацид орох тусам шинжилгээний магад эергийн утга (PPV-positive predictive value), магад сөргийн утга (NPV-negative preictive value) өөрчлөгдөх эрсдэлтэй байна гэж судлаачид үзжээ[20].

Нэгтгэн дүгнэхэд дэлхий нийтээр КОВИД-19 өвчнийг эмчлэх шинэ үр дүнтэй аргыг судлан тогтоох, нийт хүн амыг богино хугацаанд дархлаажуулах нь вирусын шинэ мутаци үүсэх цаашид халдварын тархалт нэмэгдэхээс сэргийлэх гол арга зам гэж үзэж байна.

Ном зүй:

1. *Cascella M, Rajnik M, Cuomo A, Dulebohn SC, Di Napoli R. Features, Evaluation, and Treatment of Coronavirus (COVID-19). StatPearls. Treasure Island (FL)2021.*
2. *Li Q, Guan X, Wu P, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. N Engl J Med. Mar 26 2020;382(13):1199-1207.*
3. *Zhou P, Yang XL, Wang XG, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature. Mar 2020;579(7798):270-273.*
4. *Lam TT, Jia N, Zhang YW, et al. Identifying SARS-CoV-2-related coronaviruses in Malayan pangolins. Nature. Jul 2020;583(7815):282-285.*
5. *Taiaroa G, Rawlinson D, Featherstone L, et al. Direct RNA sequencing and early evolution of SARS-CoV-2. bioRxiv. 2020:2020.2003.2005.976167.*
6. *Bosch BJ, van der Zee R, de Haan CA, Rottier PJ. The coronavirus spike protein is a class I virus fusion protein: structural and functional characterization of the fusion core complex. J Virol. Aug 2003;77(16):8801-8811.*
7. *Mousavizadeh L, Ghasemi S. Genotype and phenotype of COVID-19: Their roles in pathogenesis. J Microbiol Immunol Infect. 2021;54(2):159-163. doi:10.1016/j.jmii.2020.03.022*
8. *Woo PC, Huang Y, Lau SK, Yuen KY. Coronavirus genomics and bioinformatics analysis. Viruses. Aug 2010;2(8):1804-1820.*
9. *Shu Y, McCauley J. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data - from vision to reality. Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin. 2017;22(13):30494.*
10. *Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, et al. Emergence of a SARS-CoV-2 variant of concern with mutations in spike glycoprotein. Nature. Mar 9 2021. Nature 592, 438–443 (2021). https://doi.org/10.1038/s41586-021-03402-9*
11. *Koyama T, Platt D, Parida L. Variant analysis of SARS-CoV-2 genomes. Bulletin of the World Health Organization. 2020;98(7):495-504.*
12. *Ou J, Zhou Z, Dai R, et al. Emergence of RBD mutations in circulating SARS-CoV-2 strains enhancing the structural stability and human ACE2 receptor affinity of the spike protein. 2020.*
13. *Koyama T, Emergence of Drift Variants That May Affect COVID-19 Vaccine Development and Antibody Treatment. Pathogens. Apr 26 2020;9(5).*
14. *Kemp SA, Meng B, Ferriera I, et al. Recurrent emergence and transmission of a SARS-CoV-2 Spike deletion H69/V70. bioRxiv. 2021:2020.2012.2014.422555.*
15. *Public Health England assignee. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England. 11 March 2021. cited by 15 March 2021*
16. *SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Updated Mar. 24, 2021.*
17. *Korber B, Fischer WM, Gnanakaran S, et al. Tracking Changes in SARS-CoV-2 Spike: Evidence that D614G Increases Infectivity of the COVID-19 Virus. Cell. 2020/08/20/ 2020;182(4):812-827. e819.*
18. *Volz E, Hill V, McCrone JT, et al. Evaluating the Effects of SARS-CoV-2 Spike Mutation D614G on Transmissibility and Pathogenicity. Cell. 2021/01/07/ 2021;184(1):64-75.e11.*
19. *Challen R, Brooks-Pollock E, Read JM, Dyson L, Tsaneva-Atanasova K, Danon L. Risk of mortality in patients infected with SARS-CoV-2 variant of concern 202012/1: matched cohort study. BMJ. 2021;372:n579.*
20. *Zhou Y, Pei F, Ji M, et al. Sensitivity evaluation of 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) RT-PCR detection kits and strategy to reduce false negative. PLoS One. 2020;15(11):e0241469.*

Common mutations of SARS-CoV-2

Khulan.U[1], Khaliun.M[1], Batkhishig.M[1], Bilguun.E[1], Baljinnyam.T[1], Batchimeg.B[1], Munkhtsetseg.B[1], Oyungerel.G[1], Chimeglkham.B[1], Tulgaa.L[1], Enkhsaikhan.L[2], Bilegtsaikhan.Ts[1,3], Munkhbayar.S[1], Munkhbat.B[1,2], Munkhtuvsin.N[1]

[1]Institute of Medical Sciences, Mongolia
[2]Mongolian National University of Medical Sciences
[3]Second General Hospital, Mongolia
Email: khulan.ims@mnums.edu.mn, Tel: 80018631

The coronavirus disease 2019 (COVID-19), pandemic started in December 2019 in Wuhan, Hubei Province, China, is caused by severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (*SARS-CoV-2*).
SARS-CoV-2 belongs to the Betacoronavirus and human Betacoronaviruses have similarities (*SARS-CoV*-79.5% homology), (MERS-CoV-50% homology) and differences in their genomic and phenotypic structure.
Since the end of 2019, uncontrolled transmission of COVID-19 continues globally, which may lead to new mutations of the virus and potentially resulting in more virulent strains with higher mortality rates or emergence of strains resistant to treatment. When viruses constantly change through mutation, new variants of a virus are expected to occur worldwide.
New variants seem to spread more easily and quickly than other variants, which may lead to more cases of COVID-19.
Multiple *SARS-CoV-2* variants are circulating globally. Several new variants emerged in the fall of 2020, in the United Kingdom, a new variant known as B.1.1.7 emerged with a large number of mutations. This variant is detected in many countries around the world. In South Africa, another variant known as B.1.351 emerged independently of B.1.1.7. This variant shares some mutations with B.1.1.7. In Brazil, a variant known as P.1 emerged and contains 17 unique mutations, including three in the receptor binding domain of the spike protein.
Consequences of newly mutation and variants are the ability to spread more quickly in people, to cause more severe disease and ability to avoid detection by specific diagnostic tests.

Key words: COVID-19; lineage; genomes; Spike protein