



PRE PROYECTO

ISABEL ESPINO GUTIÉRREZ

ANTECEDENTES

Las regiones abiertas de lectura, ORFs, son secuencias de ADN o ARN que tienen el potencial de codificar proteínas. Estas secuencias son cruciales para entender la biología de cualquier organismo, incluidos los virus, que dependen de sus proteínas para infectar a los huéspedes y replicarse. ¹

La variabilidad en las ORFs entre diferentes cepas de un virus puede influir significativamente en su patogenicidad, transmisibilidad y resistencia a tratamientos. ²

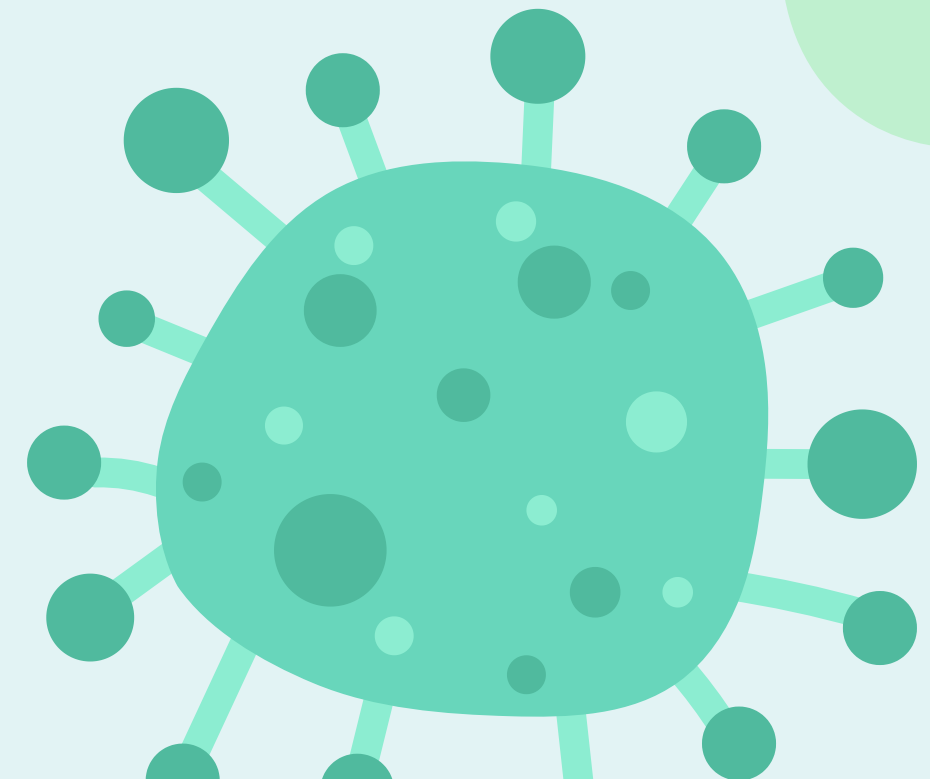
ANTECEDENTES

El análisis genómico de cepas de SARS-CoV-2 ha revelado variaciones significativas en los ORFs incluyendo mutaciones y deleciones que afectan tanto a proteínas estructurales como no estructurales, lo que impacta en la transmisión del virus ²

IMPORTANCIA

El estudio de las ORFs en diferentes cepas virales es fundamental para el desarrollo de estrategias de prevención y tratamiento de enfermedades virales.

Permite descubrir variantes de proteínas virales que podrías ser objetivos para vacunas.



METODOLOGÍA TENTATIVA

La metodología tentativa a seguir empleará técnicas computacionales de bioinformática para comparar las ORFs de al menos dos cepas virales del SARS-CoV-2

1. Recolección de datos
2. Identificación de ORFs
- 3. Comparación de ORFs
4. Análisis Funcional

HIPÓTESIS

Diferencias significativas en las ORFs entre cepas virales diferentes del SARS-CoV-2 conducen a variaciones en sus características biológicas, lo cual puede tener implicaciones importantes para la salud pública.

OBJETIVOS GENERALES

Comparar los ORFs de al menos dos cepas virales de un virus para identificar y analizar diferencias significativas.

OBJETIVOS PARTICULARES

Identificar las ORFs presentes en las cepas seleccionadas

Determinar diferencias en las secuencias de ORFs entre las cepas y predecir sus posibles impactos funcionales

CONCEPTOS CLAVE

ORF (Open Reading Frame): secuencia de nucleótidos que tiene el potencial de ser traducida en una proteína ⁴

Cepa viral: variante de un virus que se diferencia de otras variantes en su secuencia genética ⁵

Referencias

1. Fournier, P., Dubourg, G., & Raoult, D. (2014). Clinical detection and characterization of bacterial pathogens in the genomics era. *Genome Medicine*, 6(11). <https://doi.org/10.1186/s13073-014-0114-2>
2. Islam, M. R., Hoque, M. N., Rahman, M. S., Alam, A. S. M. R. U., Akther, M., Puspo, J. A., Akter, S., Sultana, M., Crandall, K. A., & Hossain, M. A. (2020b). Genome-wide analysis of SARS-CoV-2 virus strains circulating worldwide implicates heterogeneity. *Scientific Reports*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70812-6>
3. Jungreis, I., Sealfon, R., & Kellis, M. (2021). SARS-CoV-2 gene content and COVID-19 mutation impact by comparing 44 Sarbecovirus genomes. *Nature Communications*, 12(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22905-7>

Referencias

4. Open reading frame. (s. f.). Genome.gov. <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Open-Reading-Frame>
5. News-Medical. (2022, 21 marzo). What is a Viral Strain? <https://www.news-medical.net/health/What-is-a-Viral-Strain.aspx>