



Sars-Cov2: El cambia formas que no es un alienígena

Puntos importantes

- El **método de Sanger** consiste en reacciones que se interrumpen debido a la incorporación de nucleótidos que están modificados por el extremo 3'.
- La secuenciación Sanger consiste en elucidar la secuencia en un **gel de agarosa** de acuerdo con los tamaños de los fragmentos.
- Entre las tecnologías de secuenciadores de nueva generación podemos encontrar a **454, ilumina, ion Torrent, Pacbio y Oxford Nanopore**.
- Estas tecnologías de secuenciación fueron de gran importancia durante la pandemia para **secuenciar el genoma** de Sars-Cov2 y conocer su mecanismo de infección.
- El Sars-Cov2 tiene una alta tasa de mutación, lo cual da origen a múltiples **variantes** que poseen ventajas adaptativas.
- Secuenciar el genoma de Sars-Cov2 y sus variantes es fundamental en el desarrollo de un **tratamiento efectivo**.

Resumen

Desde que se descubrió que el ADN portaba las instrucciones para dar origen a los seres vivos, obtener la secuencia del genoma de los organismos se ha vuelto el objetivo de la ciencia hoy en día. Por este motivo, en la década de los 70s el científico Friederich Sanger se dispuso a crear un método capaz de obtener dicha secuencia por medio de geles de agarosa que clasificaran los fragmentos de ADN de acuerdo a la base que incorporaran. A pesar de que este método era efectivo, el tiempo que tomaba llevarlo a cabo era demasiado largo, es por esto que con el pasar de los años se fueron desarrollando tecnologías automatizadas que se conocieron como secuenciadores de segunda generación.

Entre estos nuevos aparatos se incluían la pirosecuenciación 454, el modelo ilumina a base de nucleótidos marcados con fluoróforos y ion torrent basado en la medición del cambio de pH al secuenciar. Posterior a esto, la llegada de los secuenciadores de tercera

generación trajo consigo invenciones capaces de trabajar con secuencias largas en una menor cantidad de tiempo. Entre la tercera generación se puede destacar Oxford Nanopore, la cual consiste en un poro proteico capaz de asimilar los cambios de voltaje cuando la secuencia de ADN pasa a travez de el. Por otro lado, Pacbio tambien demuestra ser efectivo en la secuenciación de fragmentos largos por medio de polimerazas inmovilizadas en micro pocillos donde se detecta la fluorescencia emitida.

En el año 2020 una pandemia ocasionada por el virus Sars-Cov2 azoto al mundo. Dicho coronavirus, causo un gran temor en la comunidad medica, pues este es capaz de provocar un padecimiento conocido como Covid-19 el cual consta de problemas respiratorios graves en humanos, que en algunos casos conllevan la muerte. Afortunadamente, en la actualidad se cuenta con las tecnologias de secuenciación antes mencionadas. Dichos aparatos permitieron determinar la composición del Sars-Cov2 y posteriormente analizar su mecanismo de infección.

Gracias a esto fue posible descubrir que el virus era capaz de asociarse a las celulas humanas que portaran el receptor de angiotensina (ACE2) por medio de su proteina espiga (Spike). Una vez que ocurre la interacción de ambas proteinas, el virus procede a fusionarse con la celula y exparcir sus mRNAs con el objetivo de replicar multiples virus nuevos identicos al original. Una vez que este proceso se ha consumando la celula explota y provoca inflamación del tejido infectado ocasionano los sintomas conocidos del virus.

A pesar de que ahora se conoce toda esta información, la alta tasa de mutación de este coronavirus ha dado origen a multiples variantes que con ventajas selectiva en ciertas regiones. Por este motivo el Dr. Alejandro Sanchez y su equipo se encargan de realizar estudios genómicos sobre estas variantes y comprender las adaptaciones que las han llevado a prosperar dentro del territorio mexicano. Estos analisis les permitieron encontrar el cambio de aminoacidos en el dominio de unión que le conferia mayor infecciosidad a la sub variante B.1.1.222 que fue predominante en el mes de agosto. Esto en su momento permitio tomar las decisiones necesarias para evitar la propagación del virus. Por este motivo en la actualidad se continuan realizando investigaciones sobre las sub variantes de Delta, ya que estos son las formas del Sars-Cov2 mas predominantes en la actualidad de nuestro pais.