Forma, Círculo

Descripción generada automáticamente

**Sars-Cov2: El cambia formas que no es un alienigena**

**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 multiples **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 descubrio que el ADN portaba las instrucciones para dar origen a los seres vivos, obtener el genoma de los organismos se ha vuelto el objetivo de la ciencia hoy en dia. Por este motivo, en la decada de los 70’s el científico Friederich Sanger se dispuso a crear un método capaz de capturar la secuencia de nucleótidos por medio de geles de agarosa. Este proceso es capaz de clasificar los fragmentos de ADN de acuerdo con el tamaño molecular de la base que incorporan. No obstante, el tiempo que tomaba llevar a cabo esta técnica era demasiado largo. Por esta razón es que con el pasar de los años se desarrollaron tecnologías automatizadas que actualmente se conocen como secuenciadores de segunda generación.

Entre estos nuevos aparatos se incluian la pirosecuenciación **454**, el modelo **ilumina** a base de nucleótidos marcados con fluoroforos y el sistema **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. En esta etapa se puede destacar **Oxford Nanopore**, la cual consiste en un poro proteíco capaz de asimilar los cambios de voltaje provocados por cada base cuando la secuencia de ADN pasa a través de el. En esta generación **Pacbio** también demuestra ser efectivo en la secuenciación de fragmentos largos. Lo cual, lleva a cabo por medio de polimerasas inmovilizadas en micro pocillos sobre los que se detecta el tipo de luz emitida.

En el año 2020 una pandemia ocasionada por el virus Sars-Cov2 azotó al mundo. Dicho coronavirus, causo un gran temor en la comunidad médica a causa de que este es capaz de provocar un padecimiento conocido como Covid-19. Esta enfermedad, consiste en una serie de problemas respiratorios graves 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 múltiples virus nuevos idénticos al original. Una vez que este proceso se ha consumado la célula explota y provoca inflamación del tejido infectado ocasionando los sintomas que esta enfermedad implica.

A pesar de que ahora se conoce toda esta información, la alta tasa de mutación del Sars-Cov2 ha dado origen a múltiples variantes con ventajas selectivas a determinadas regiones. Por este motivo, el Dr. Alejandro Sanchez y su equipo se encargan de realizar estudios genómicos sobre estas variantes para posteriormente comprender las adaptaciones que las han llevado a prosperar dentro del territorio mexicano. Este trabajo, les permitió encontrar que el cambio de aminoácidos en el dominio de unión de Spike a ACE2 le confería mayor infecciosidad a la sub variante B.1.1.222, misma que fue predominante en el mes de agosto. Esto en su momento permitió tomar las decisiones necesarias para evitar una mayor propagación del virus. Por este motivo, el Dr. Sánchez en la actualidad continúa realizando investigaciones sobre las sub variantes de Delta, ya que estos son las formas del Sars-Cov2 más predominantes de nuestro país hoy en día.