

Genómica comparativa *In-silico* del SARS-CoV-2: revisitando nuevas pistas sobre su origen y propagación en el mundo

María José Guzmán Robayo¹, Hayler Edu Ibarra Arcila², José Gregorio Martínez³

1. Estudiante de biotecnología. 2. Biotecnólogo, estudiante de maestría en Biotecnología y Bioeconomía. I. U. Colegio Mayor de Antioquia. 3. Docente de la facultad de ciencias de la salud I.U. Colegio Mayor de Antioquia.

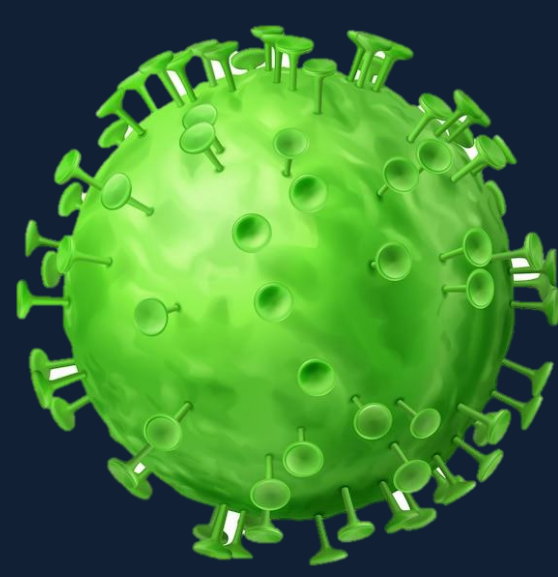
Grupo de estudio Bioinformática y biología evolutiva. Autor de correspondencia: mjguzman@est.colmayor.edu.co

P16

INTRODUCCIÓN

El coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2), ha representado uno de los mayores desafíos de salud pública a nivel mundial en las últimas décadas, con un número de personas fallecidas en todos los continentes: América (2.758.090), Europa (1.997.305), Asia (1.305.453), África (254.467) y Oceanía (13.373), esto reportado hasta el 12 de junio del 2022 [1].

Hasta la fecha se ha secuenciado un gran número de genomas completos de diversas cepas de SARS-CoV-2 aisladas durante la pandemia mundial. Al comparar las secuencias genómicas de diferentes aislados virales, se reconstruye la historia evolutiva del virus, y se identifican las mutaciones clave que han surgido a lo largo del tiempo y rastrean las rutas de transmisión [2, 3].



https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/9/95/Novel_Coronavirus_SARS-CoV-2_hc2d49d40652137023.jpg

https://img.freepik.com/vector-premium/coronavirus-color-verde-aislado-sobre-fondo-blanco-virus-covid-19_444590_3683.jpg

OBJETIVOS

General

Analizar de manera comparativa secuencias genómicas disponibles públicamente del SARS CoV-2 de los cinco continentes para predecir la propagación del virus mediante el estudio de una relación filogenética resuelta en el tiempo.

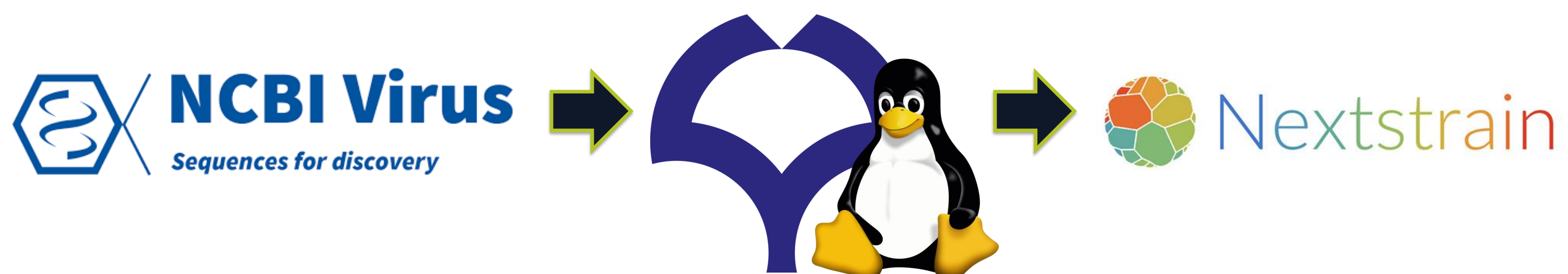
Específicos

1. Identificar filogenéticamente los grupos cladogenéticos en que se localizan las secuencias genómicas del SARS-COV-2 de forma global.
2. Rastrear la propagación del virus a través de los continentes y establecer relaciones filogenéticas más precisas.

WWW.COLMAYOR.EDU.CO

METODOLOGÍA [4]

- Procesamiento de datos



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

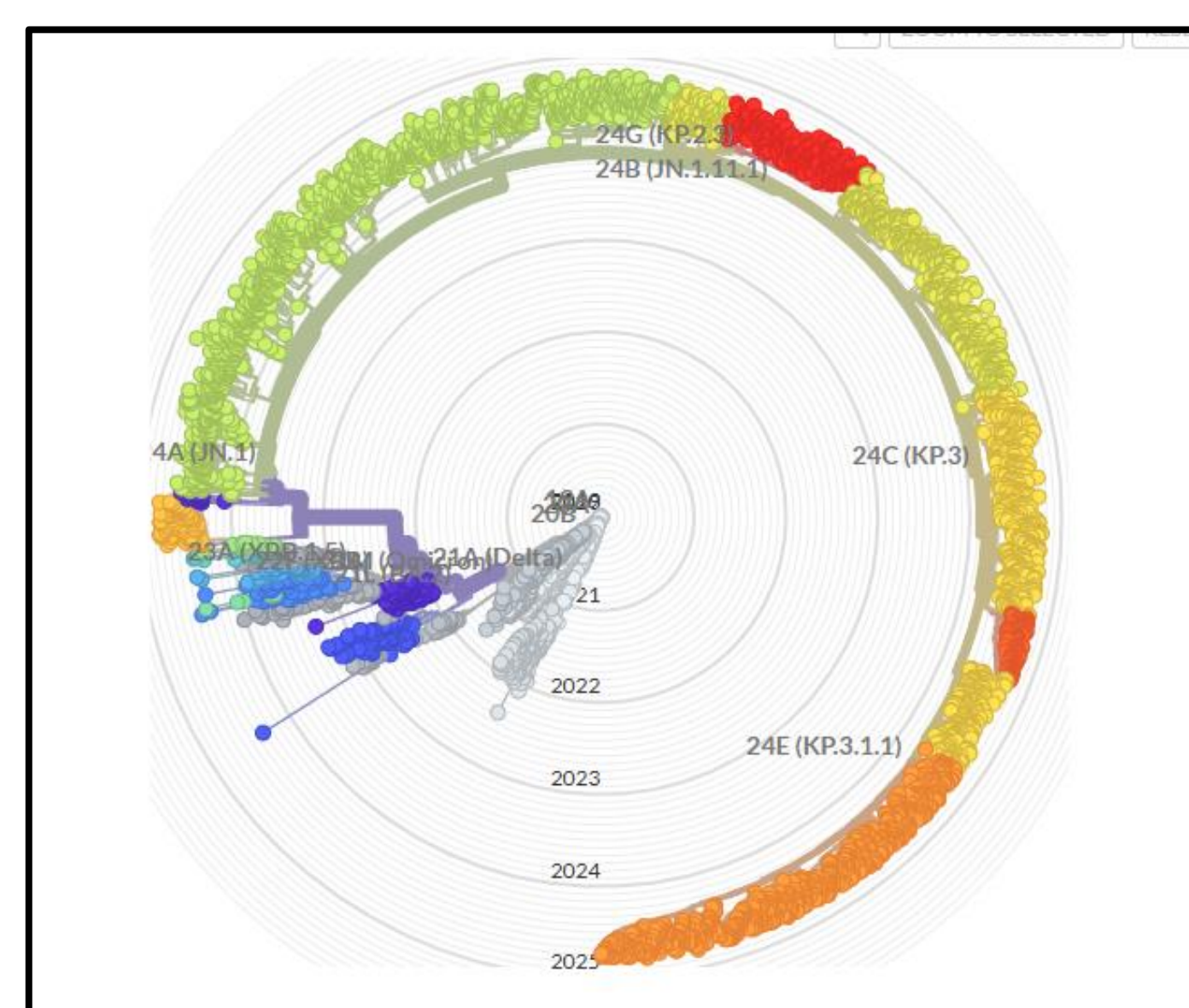


Fig 1. Cladograma mundial para SARS-CoV-2

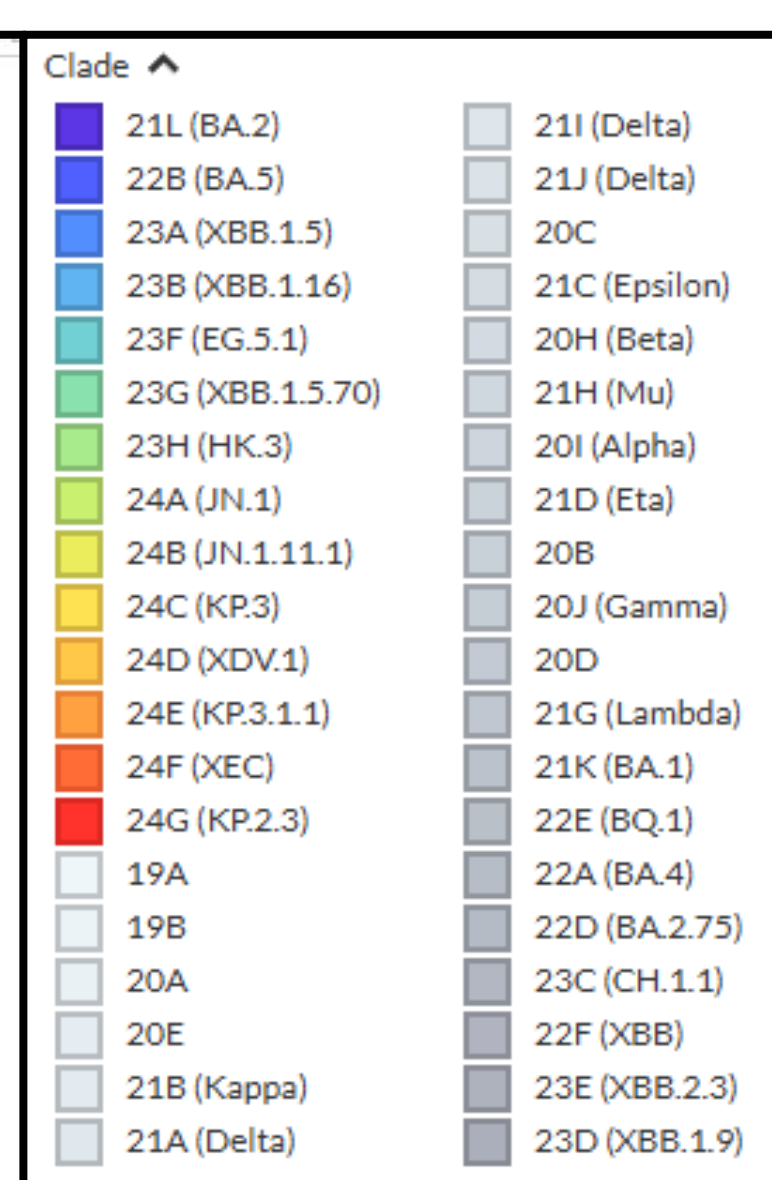


Fig 2. Clados específicos

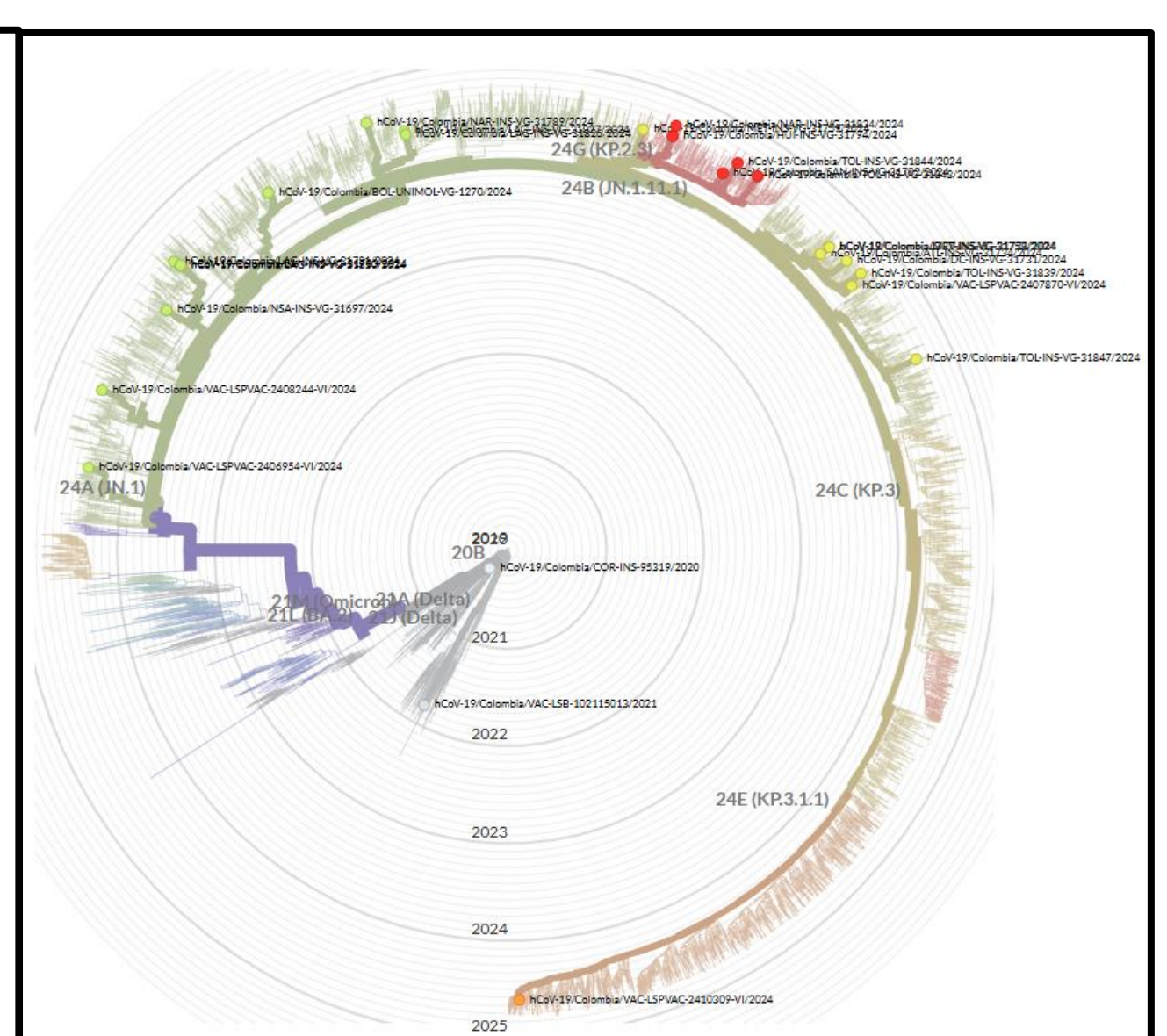


Fig 3. Cladograma de Colombia para SARS-CoV-2

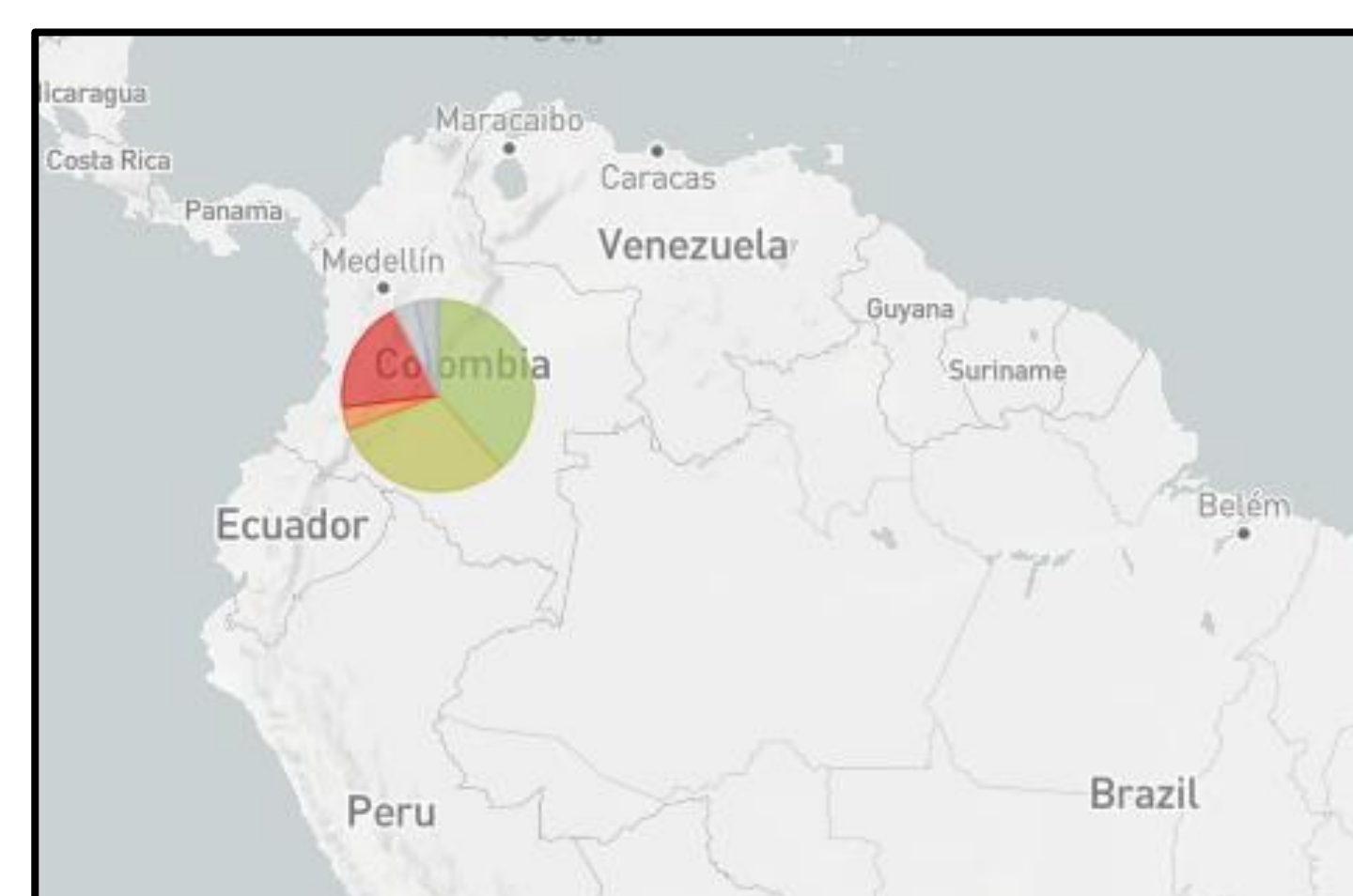


Fig 4. Dispersión endémica SARS-CoV-2 en Colombia

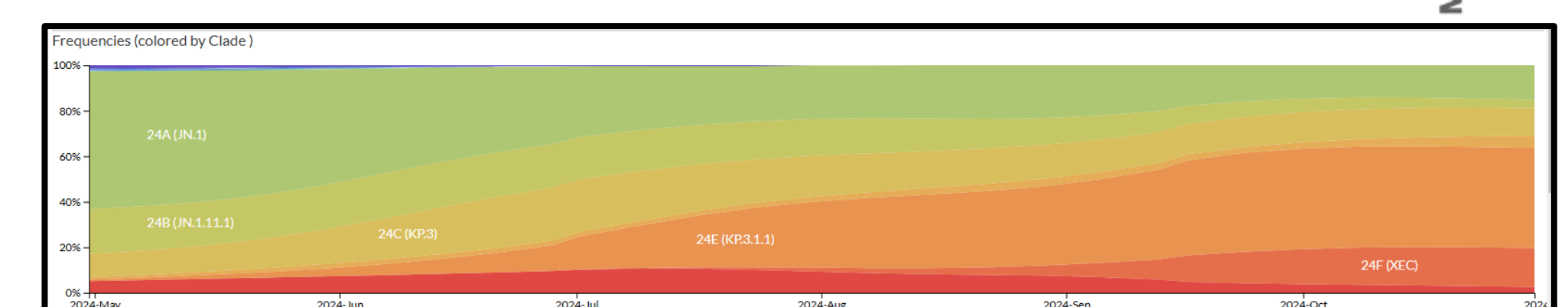


Fig 5. Heat map mundial entre mayo y octubre del presente año

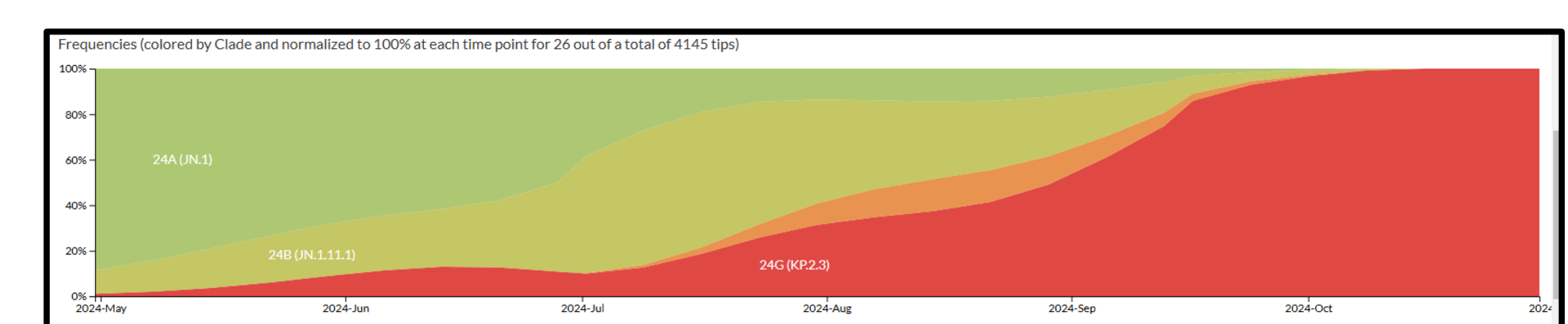


Fig 6. Heat map Colombia entre mayo y octubre del presente año

CONCLUSIONES

1. Se identificaron 40 clados distintos del SARS-CoV-2 a nivel global, lo cual refleja su diversidad genética y evolución. Este análisis filogenético facilita el monitoreo de variantes y contribuye a estrategias de control de la pandemia.
2. Se logró rastrear la propagación del SARS-CoV-2 desde su origen en Wuhan, China, a través de los continentes, estableciendo relaciones filogenéticas precisas que revelan cómo el virus se ha diversificado y adaptado en distintas regiones. Este análisis proporciona información clave para entender los patrones de transmisión y apoyar medidas de control global.

REFERENCIAS

1. Coronavirus: muertes en el mundo por continente en 2022 | Statista. (2022, 23 junio). Statista. <https://es.statista.com/estadisticas/1107719/covid19-numero-de-muertes-a-nivel-mundial-por-region/>
2. Bukin, Y., Bondaryuk, A., Kulakova, N., Balakhonov, S., Dzhiyev, Y., & Zlobin, V. (2021). Phylogenetic reconstruction of the initial stages of the spread of the SARS-CoV-2 virus in the Eurasian and American continents by analyzing genomic data. *Virus Research*, 305, 198551. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2021.198551>
3. Karami, S., Mojabafan, M., & Fard, R. M. N. (2023). Comparative Analysis of 198 SARS-CoV-2 Genomes from Iran and West Asia, February 2020 to December 2021. *Iranian Journal Of Pathology*, 18(3), 289-298. <https://doi.org/10.30699/ijp.2023.557658.2935>
4. Hadfield, J., Megill, C., Bell, S. M., Huddleston, J., Potter, B., Callender, C., Sagulenko, P., Bedford, T., & Neher, R. A. (2018). Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics*, 34(23), 4121-4123. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty407>



INSTITUCIÓN UNIVERSITARIA
COLEGIO MAYOR
DE ANTIOQUIA®

Acreditados
en ALTA CALIDAD



Alcaldía de Medellín
Distrito de
Ciencia, Tecnología e Innovación