



DETECTIVES DEL ÉBOLA

Guía para el estudiante

MATERIAL ORIGINAL DE



❖ INTRODUCCIÓN

En esta actividad, analizarás las secuencias de virus del Ebola que fueron aisladas de pacientes en Sierra Leona durante el brote de 2013–2016, con el fin de rastrear la propagación del virus.

❖ INFORMACIÓN DE FONDO

Para prepararte para realizar esta actividad, debes primero ver el **video** de 8 minutos titulado *Piensa como un científico: La selección natural durante un brote*, que presenta a la genetista computacional Parbis Sabeti y la epidemióloga Lina Moses. Luego, responde la siguiente pregunta:

1. Considerando lo que viste en el video y lo que discutieron las Dras. Sabeti y Moses, identifica tres factores que contribuyeron al número de individuos infectados durante el brote de Ebola.

Lee la información de fondo provista y responde las siguientes preguntas:

2. Define el término “mutación”.
3. En tus propias palabras, ¿por qué es importante examinar las secuencias del genoma del virus del Ebola durante un brote?

PROCEDIMIENTO

- Obtén de tu instructor un conjunto de secuencias de ADN que incluya la muestra de referencia de Guinea, y 15 secuencias de ADN de Ebola provenientes de muestras de pacientes en Sierra Leona.
- Los nucleótidos coloreados en las secuencias 1–15 representan mutaciones que ocurrieron en estos virus en comparación con la secuencia de referencia. (Recuerda que la secuencia de referencia es de un virus que estuvo presente al inicio del brote.) Cambia el orden de las secuencias 1–15 para identificar patrones en las mutaciones.

- Agrupa las secuencias de acuerdo a los patrones que observes.
- Cada secuencia debe pertenecer a un grupo, y no es necesario que todos los miembros del mismo grupo sean idénticos. Usa tus agrupaciones para responder las preguntas de análisis.

PREGUNTAS DE ANÁLISIS

Parte 1

1. Describe los criterios que utilizaste para asignar las secuencias a los distintos grupos.

2. Describe criterios alternativos que podrías haber empleado y explica por qué optaste por los criterios expuestos en tu respuesta a la Pregunta 1.

3. Si una secuencia tiene un mayor número de mutaciones en comparación con la secuencia de referencia, ¿significa que corresponde a un momento temprano o tardío del brote? Explica tu respuesta.

4. Crea una representación gráfica que resalte la relación entre tus grupos. Los organigramas y árboles son ejemplos de representaciones gráficas efectivas. Asegúrate de que tu representación incluya una flecha que indique el paso del tiempo durante el brote.

Parte 2

Científicos del Insitituto Broad crearon el gráfico que se muestra a continuación. Agruparon las secuencias según conjuntos de mutaciones compartidas, llamadas también mutaciones base.

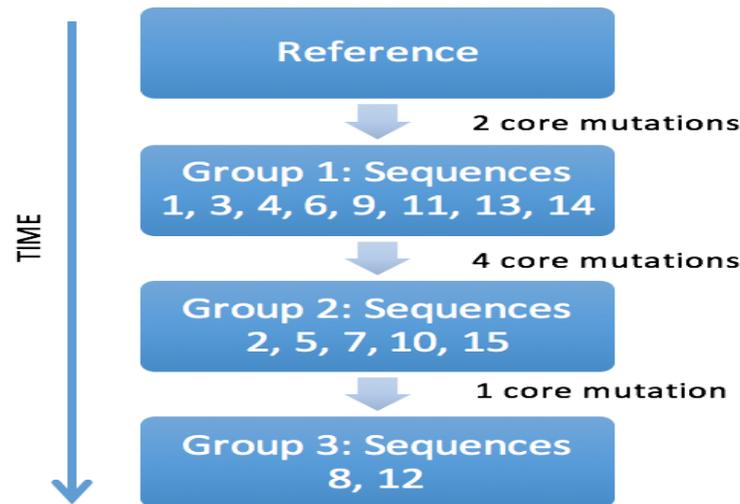


Figura 1. Grupos de secuencias del virus del Ebola. Las secuencias en cada grupo comparten un conjunto de mutaciones base. Algunos virus pueden tener mutaciones adicionales que no están presentes en otros virus de su mismo grupo. Reference=secuencia de referencia; core mutations=mutaciones base; time=tiempo; group=grupo.

1. Compara las agrupaciones en la Figura 1 con las tuyas. ¿Cuáles son las similitudes y diferencias?

2. Utilizando los grupos de la Figura 1, enumera las mutaciones base que ocurrieron de un grupo a otro. Las mutaciones base son aquellas compartidas por todos los virus de un mismo grupo. Describe la mutación indicando el número del nucleótido en la secuencia.
 - a. Diferencias entre la muestra de referencia y las secuencias del Grupo 1:

 - b. Diferencias entre los Grupos 1 y 2:

 - c. Diferencias entre los Grupos 2 y 3:

3. ¿Qué puedes inferir de este diagrama acerca del orden en que los grupos de pacientes contrajeron el Ebola?

4. Explica cómo las secuencias y clasificaciones respaldan la hipótesis de que las mutaciones se acumulan con el tiempo.

5. ¿Cómo puedes explicar el hecho de que algunas secuencias contienen mutaciones adicionales (no de base) que *no* se propagaron a otros grupos?

6. Si una mutación en particular fuese ventajosa para el virus, permitiéndole propagarse más rápido, ¿qué esperarías ver con el tiempo en términos de esa mutación en las secuencias recolectadas en una población?

REFERENCIAS

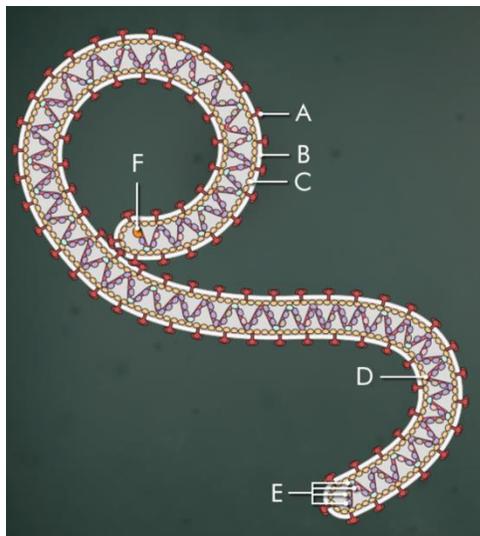
1. Gire, Stephen K. *et al.* (2014). “Genomic surveillance elucidates Ebola virus origin and transmission during the 2014 outbreak.” *Science* 345(6202):1369–1372.
2. Tam, Ruth. 2014. “This is how you get Ebola, as explained by science.” PBS Newshour.
3. “Frequently Asked Questions on Ebola virus disease.” World Health Organization. <http://www.who.int/csr/disease/ebola/faq-ebola/en/>

ACTIVIDAD DE EXTENSIÓN

Para obtener más información sobre el virus del Ebola, visita la página interactiva Click and Learn de “Virus Explorer” (<https://www.hhmi.org/biointeractive/virus-explorer>), haz clic en Ebola, y completa la tabla a continuación. Como ejemplo, te mostramos las respuestas de la primera fila.

Categorías de exploración	Traza un círculo alrededor de la(s) opción(es) correctas	Notas
Huésped	<u>Humanos</u> , <u>Mamíferos</u> , Aves, Reptiles, Plantas y Bacterias	El Ebola puede infectar a los humanos, otros primates y a los murciélagos.
Envoltura	Envuelto o desnudo	
Estructura	Esférica, Helicoidal, Icosaédrica, Cónica	
Tipo de genoma	ds ADN, ss+ARN, ss-ARN, Segmentado, Lineal o Circular	
Transmisión	Humano a humano, Zoonótica, Artrópodo, Vector, Planta a planta, Bacteria a bacteria	
Vacuna	Vacuna disponible o Vacuna no disponible	

En la herramienta interactiva, haz clic en la sección transversal y rotula la Figura 2.



- A.
- B.
- C.
- D.
- E.
- F.

Figura 2. Sección transversal del virus del Ebola