



ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD NUCLEOTÍDICA DE PROTEÍNAS NO ESTRUCTURALES DE ROTAVIRUS A

GOMEZ QUINTERO, Emiliano L; SALVATIERRA, Karina A; MIÑO, Samuel O

Laboratorio de Biología Molecular Aplicada (LaBiMAP), FCEQyN-UNaM.

1° Jornadas InBioMis, 23 y 24 de Junio de 2022

INTRODUCCIÓN: En 2008, para los Rotavirus grupo A (RVA), se implementó un sistema de clasificación basado en el genoma completo de RVA. El mismo asigna un genotipo a cada uno de los once segmentos génicos de una cepa particular de acuerdo a valores de distancia genética. Desde su implementación, el número de genotipos de proteínas no estructurales (NSP) ha aumentado sustancialmente: NSP1 (14 a 31), NSP2 (5 a 22), NSP3 (7 a 22), NSP4 (11 a 27) y NSP5/6 (6 a 22).

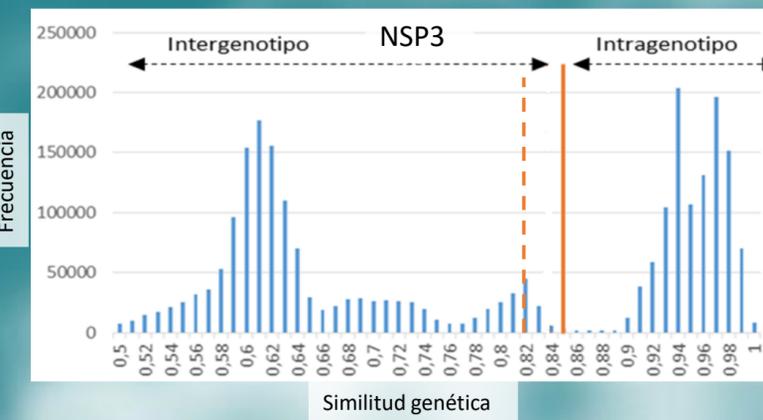
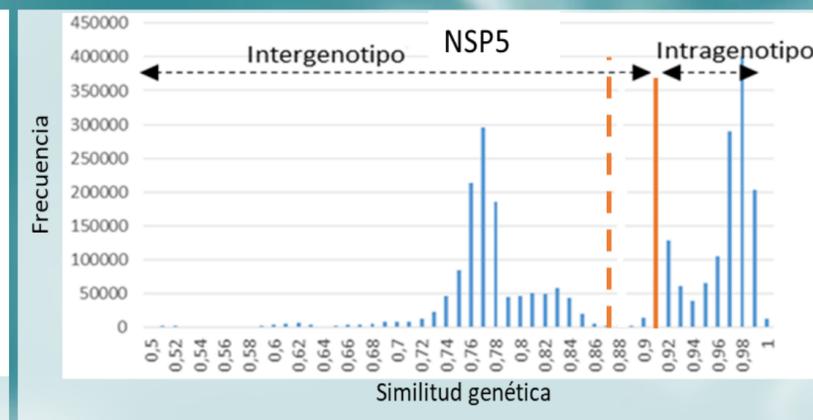
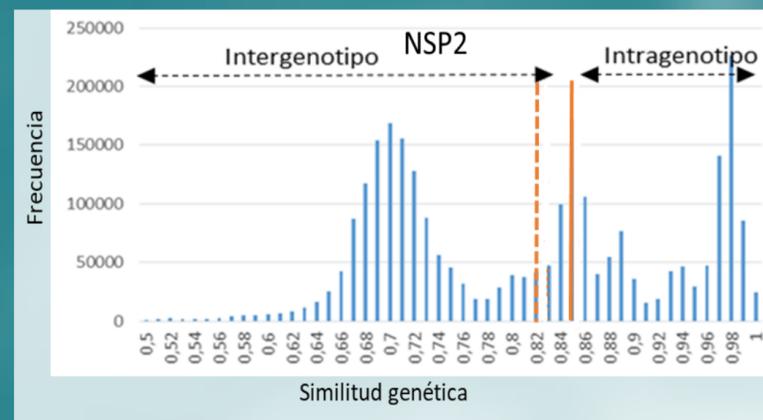
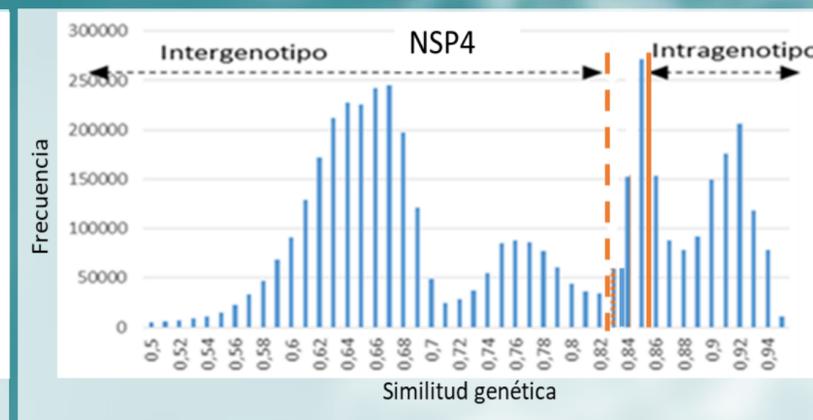
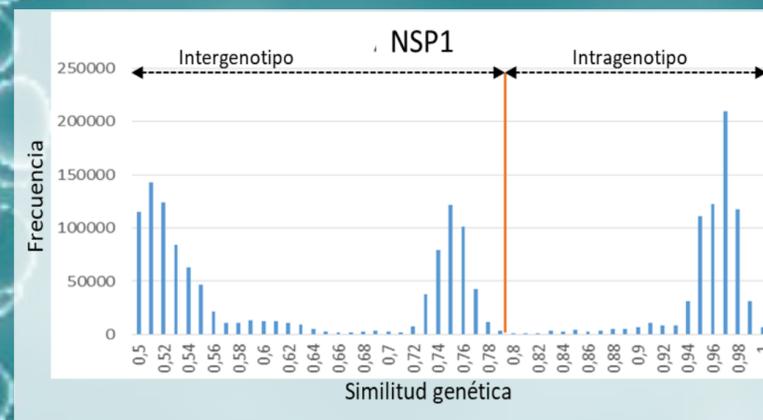
OBJETIVO: Analizar la variabilidad genética de cada uno de los NSP y corroborar si los valores de distancia genética que definen la pertenencia a un genotipo dado siguen siendo válidos.

MATERIALES y MÉTODOS: las secuencias nucleotídicas se obtuvieron desde Genbank. Se construyeron alineamientos múltiples y se calcularon matrices de distancias genéticas y así evaluar si los genotipos estaban correctamente asignados considerando los valores de corte actuales. Además, se construyeron árboles filogenéticos para determinar si los genotipos reportados forman grupos monofiléticos.

RESULTADOS: Se observó que en el 23% (7/31), 23% (5/22), 37% (8/22), 26% (7/27) y 23% (5/22) de los genotipos para NSP1, NSP2, NSP3, NSP4 y NSP5, respectivamente, poseían cepas que según los valores de corte no se ajustan al genotipo determinado (conflictos).

CONCLUSIONES: Para NSP1-NSP5 incluir la filogenia contribuye a mejorar la clasificación. Para NSP2-NSP4 y para NSP5, una optimización de los valores de corte de 85 a 82%, y de 91 a 87%, mejora significativamente la clasificación.

IMPORTANCIA Y PERSPECTIVAS: Este trabajo destaca que el conocimiento actual de la variabilidad nucleotídica de las NSP de RVA. Además, resalta la necesidad de mantener el trabajo continuo del RCWG y la importancia de interactuar con él.



Histogramas de frecuencia para cada uno de los cinco genes NSP: en el eje Y se muestra frecuencia de datos, en el eje X la similitud genética. La línea anaranjada continua marca el valor de corte actual, la línea punteada un valor corte propuesto que mejoría la clasificación de ese gen