



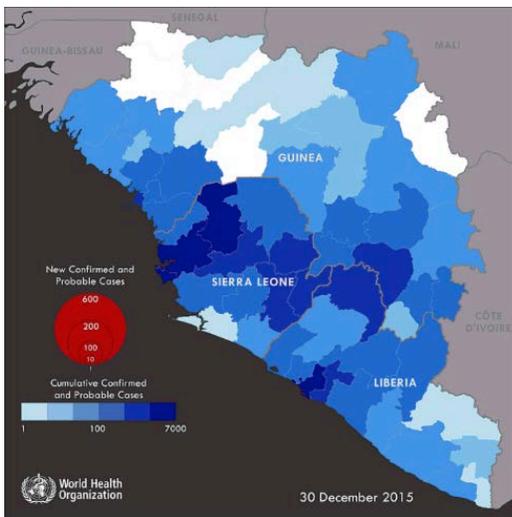
## LECTURA DE FONDO

El virus del Ebola es un virus zoonótico, lo que significa que se puede propagar de animales a humanos. Una vez que una persona es infectada, el virus afecta múltiples sistemas y órganos en el cuerpo. Las células infectadas se pueden adherir a los vasos sanguíneos, causando sangramiento interno incontrolable en algunos pacientes, acompañado de fiebre alta—una condición conocida como fiebre hemorrágica. Otros síntomas comunes incluyen insuficiencia renal y hepática, vómitos y diarrea. En promedio, 50% de las personas que contraen el Ebola mueren de la enfermedad, aunque las tasas de fatalidad en diferentes brotes han variado entre el 25% y el 90%.

El primer brote de Ebola documentado ocurrió en 1976 en la República Democrática del Congo en África Central, e infectó a aproximadamente 300 personas. Desde entonces, ha habido varios brotes en África Central, pero el mayor brote registrado comenzó en Guinea, país de África Occidental, en diciembre de 2013. El virus se propagó

a los países vecinos de Sierra Leona y Liberia. Para abril de 2016, más de 28,000 casos y más de 11,000 muertes fueron reportados en África Occidental.

El brote de 2013–2016 fue sin precedentes en tamaño y duración. Este drástico aumento en el número de casos se podría atribuir a varios posibles factores. Dado que este fue el primer brote de Ebola conocido en África Occidental, las diferencias regionales podrían ser un factor. África Central es una región muy forestada y con acceso limitado a carreteras, mientras que África Occidental cuenta con varias ciudades grandes y con mejor infraestructura de transporte, lo que facilita el traslado de pacientes infectados entre comunidades y a través de fronteras, propagando la enfermedad.



Map of Ebola cases in West Africa from January 2014 to December 2015. WHO

Mapa de los casos de Ebola en África Occidental desde enero de 2014 a diciembre de 2015. OMS.

**Figura 1. Mapa mostrando la propagación del brote de Ebola en África Occidental en 2013–2016.** Las regiones más oscuras tuvieron más casos. (Fuente: Organización Mundial de la Salud.)

Durante el brote de 2013–2016, el Hospital Gubernamental de Kenema en Sierra Leona colaboró con científicos del laboratorio de Pardis Sabeti en el Instituto Broad para usar análisis genético en el monitoreo de presuntos pacientes y diagnosticar confiablemente la infección. También buscaban determinar cómo

el virus estaba cambiando durante el brote.

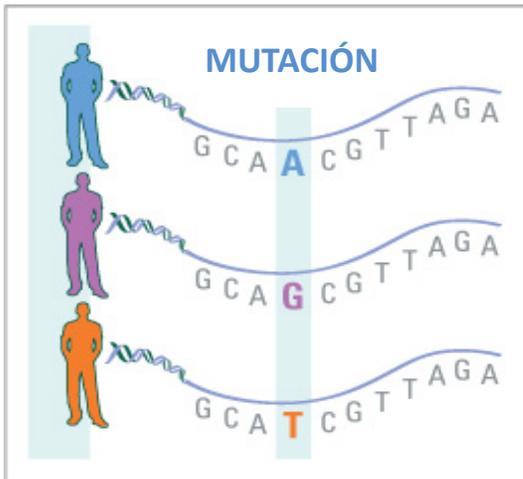
## Monitoreando la propagación del virus

El Ebola se propaga mediante el contacto con los fluidos corporales de un paciente infectado, tales como la sangre, saliva, orina o sudor. Además de monitorear contactos de persona a persona, que es la forma en que los trabajadores sanitarios identifican a aquellos expuestos a personas infectadas, los científicos pueden rastrear cómo se propaga el Ebola utilizando secuenciación de ADN. Cada paciente con Ebola tiene el virus en la sangre.



El virus del Ebola tiene un genoma compuesto por **ARN**, el cual a su vez está compuesto por una secuencia de letras (G, C, A y U). A medida que el virus se replica, ocurren cambios aleatorios en la secuencia de letras, o **mutaciones**. El virus se replica muchas veces durante una infección, creando muchas oportunidades para que se den mutaciones. Muchas de estas mutaciones serán perjudiciales para el virus y hasta pueden resultar en virus defectuosos, otras serán neutrales, y un número reducido de mutaciones podrían conferirle algún tipo de ventaja. Si el paciente infectado transmite el virus a otra persona, ésta podría heredar el virus mutado, el cual sufrirá mutaciones adicionales durante la nueva infección. De esta manera, los virus transmitidos de una persona a otra están relacionados entre sí, pero también pueden acumular diferencias con el tiempo.

Los científicos aíslan el ARN del virus de muestras de sangre y luego convierten el ARN en ADN. Después de secuenciar el ADN, comparan las secuencias de virus aisladas de individuos en distintas localidades y momentos del brote. Los científicos pueden reconstruir la historia de cómo el virus se propaga y muta al identificar las diferencias entre los genomas virales. Rastrear las mutaciones a lo largo del tiempo puede también revelar si el virus se está tornando potencialmente más peligroso.



**Figura 2. Una mutación es un cambio en la secuencia de nucleótidos.** Estas secuencias de ADN se diferencian en una letra, que representa una mutación. El virus del Ebola tiene un genoma compuesto por ARN pero fue convertido a ADN para secuenciarlo.

Durante las primeras semanas del brote en Sierra Leona, los científicos del laboratorio de Sabeti secuenciaron muestras de Ebola de 78 pacientes. Compararon los datos con una secuencia de referencia de un paciente en Guinea, donde el brote de Ebola comenzó. En la actividad, analizarás un subconjunto de secuencias virales recolectadas por el laboratorio de Sabeti y compararás tus resultados con los de ellos.