

## La variante Ómicron del SARS-CoV-2 alberga una inserción única de una mutación de origen genómico humano o viral putativo

A.J. Venkatakrishnan<sup>1</sup>, Praveen Anand<sup>2</sup>, Patrick J. Lenehan<sup>1</sup>, Rohit Suratekar<sup>2</sup>, Bharathwaj Raghunathan<sup>3</sup>, Michiel J.M. Niesen<sup>1</sup>, Venky Soundararajan<sup>1,2,3</sup>

\*<sup>1</sup> Referencia, Cambridge, Massachusetts, Estado Unidos.

<sup>2</sup> laboratorios de referencia, Bengaluru, Karnataka 560017, India

<sup>3</sup> nference, Toronto, ON M5V 1M1, Canadá

OSF, <https://doi.org/10.31219/osf.io/f7txy>, 2 de diciembre, 2021.

### Abstracto

La aparición de una variante del SARS-CoV-2 muy mutada (B.1.1.529, Ómicron) y que se ha extendido a 6 continentes en una semana desde el descubrimiento inicial ha provocado un alarma sanitaria y pública global. Es necesario caracterizar el perfil mutacional de Ómicron para interpretar sus fenotipos clínicos compartidos o distintivos con otras variantes del SARS-CoV-2.

Comparamos las mutaciones de Ómicron con las variantes previas de preocupación (Alfa, Beta, Gamma, Delta), de interés (Lambda, Mu, Eta, Iota y Kappa) y con todos los linajes 1523 SARS-CoV-2, constituyendo 5,4 millones de genomas del SARS-CoV-2.

La proteína S de Ómicron tiene 26 aminoácidos mutados (23 sustituciones, 2 deleciones y una inserción) que son distintas en comparación con otras variantes de preocupación.

Considerando que han aparecido las mutaciones de sustitución y deleción en linajes anteriores de SARS-CoV-2, la mutación de inserción (ins214EPE) no ha sido previamente observada en cualquier linaje de SARS-CoV-2, que no sea Ómicron.

La codificación de la secuencia de nucleótidos para ins214EPE podría haberse adquirido mediante cambio de plantilla, involucrando los genomas de otros virus que infectan las mismas células huésped que el SARS-CoV-2 o el transcriptoma humano de células huésped infectadas con SARS-CoV-2. Por ejemplo, dados informes clínicos recientes de coinfecciones en pacientes COVID-19 con coronavirus estacionales (por ejemplo, HCoV-229E), los datos de secuenciación de ARN unicelular que muestran la expresión simultánea de los receptores de entrada del SARSCoV-2 y HCoV-229E (ACE2 y ANPEP) en las vías respiratorias y en las células gastrointestinales, y genomas del VHC que albergan secuencias homólogas a las secuencia de nucleótidos que codifica ins214EPE, es plausible que la inserción de Ómicron podría haber evolucionado en un individuo coinfectado.

Es necesario comprender la función de la inserción de Ómicron y si las células huésped humanas están siendo explotadas por el SARS-CoV2 como una "caja de arena evolutiva" para la interacción genómica entre virus y huésped y entre virus.

**Traducción:** Ramiro Heredia ([ramiroherediamd@gmail.com](mailto:ramiroherediamd@gmail.com))