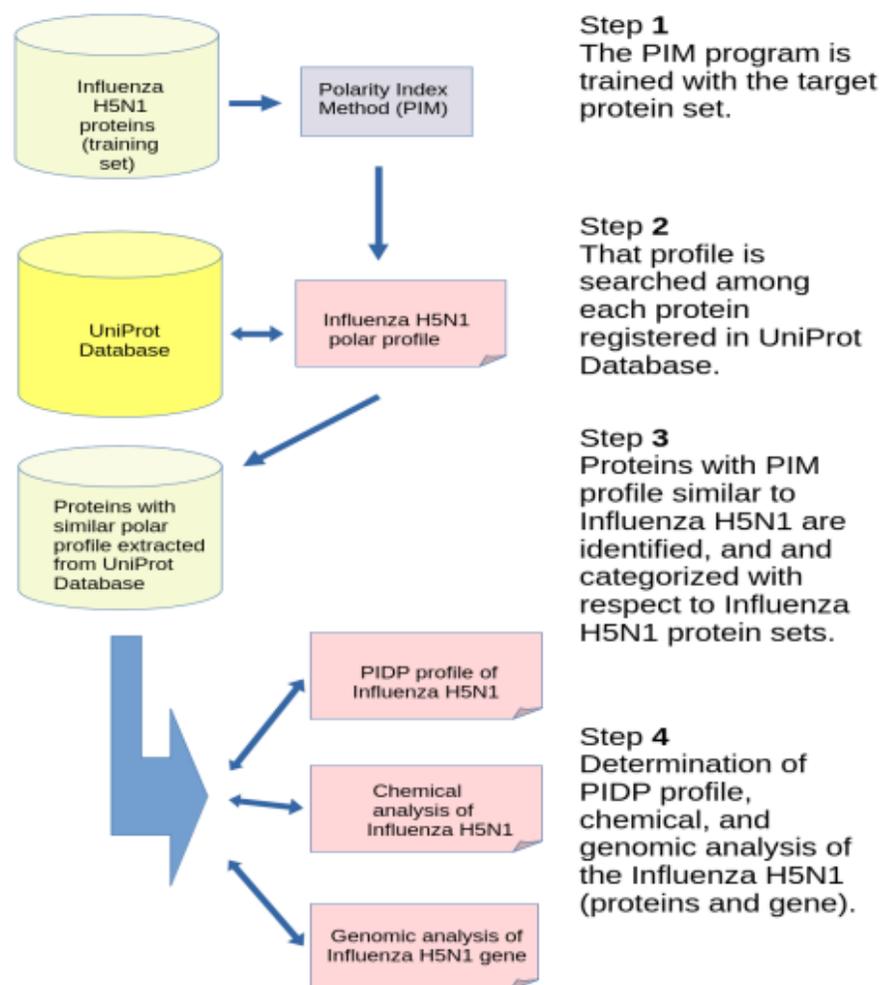


Simulación computacional para obtener una huella matemática-computacional del virus de Influenza A-H5N1

Dr. Carlos Polanco – Facultad de Ciencias UNAM

Fundamento: Más de dieciséis países están infectados con el virus A-H5N1, que ha provocado la matanza de millones de aves y la infección de mil humanos. Su tasa de mortalidad supera el 50% y su potencial pandémico es monitoreado continuamente (OPS/OMS, marzo de 2023).

Objetivo: Para comprender las glicoproteínas de la envoltura que expresan la influenza H5N1 (tipos de proteínas hemaglutinina y nramminidasa), para ello se evaluará cada proteína registrada en la mayor base de datos existente UniProt, y encontrar el porcentaje de similitud entre las proteínas H5N1 y las ahí registradas.



Enlaces de interés

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3068632/>

https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/29/4/22-1538_article