



Tecnológico de Monterrey

Evidencia 2

Armando Terrazas Gómez A01640924

Anna Claudia Norzagaray Marquez A01640991

Victoria Ramírez Castro A01640824

05 de mayo del 2022

Análisis de Biología Computacional

Osiris Díaz Torres

Tabla de Variantes

Variante	Código base de datos	País afectado
Alpha	MZ344997.1	Reino Unido
Beta	MW598419.1	Sudáfrica
Gamma	MZ169911.1	Brasil
Delta	MZ359841.1	India
Omicron BA.1	OL672836.1	Sudáfrica
Omicron BA.2	OM685375.1	Reino Unido
Omicron BA.4	ON373214.1	Sudáfrica
Omicron BA.5	ON348053.1	Sudáfrica
Epsilon	MW453103.1	Estados Unidos
Zeta	MW523796.1	Brasil
Eta	MW560924.1	Todo el Mundo
Theta	OL629472.1	Filipinas
Iota	MW643362.1	Estados Unidos
Kappa	MW966601.1	India
Lambda	MW850639.1	Perú
B.1.1.318	ON299327	Suiza
B.1.375	ON339726	Europa

Dseta	ON344637	Brasil
Mu	ON365459	Colombia
B.1.214.2	OK425147	Europa

(NCBI, s. f.)

Parte investigación

1. ¿Cuáles son los virus “similares” a SARS-CoV-2 en el mundo? Obtén tus referencias de PUBMED.

Son similares por su taxonomía: todos pertenecen a la familia coronaviridae y esta se caracteriza por la forma del virus, que tiene protuberancias en su forma esférica que recuerda a la de una corona, además los coronavirus son virus de ARN.

Los coronavirus tienen una estructura similar a una esfera. Son virus con protuberancias en sus superficies y pueden tener diferentes formas morfológicas. [...] Los coronavirus son virus envueltos. [...] Estos virus tienen proteínas estructurales como S (glicoproteína de spike), E (Envolvente), M (Membrana) y N (Nucleocápside). La forma de la corona, que es la fuente del nombre coronavirus, está formada por proteínas de espiga.

La existencia de la familia del coronavirus, incluidos el MERS-CoV, el SARS-CoV y el COVID-19, se conoce desde los años 60. Los primeros coronavirus encontrados son virus que causan bronquitis en las aves de corral y se aíslan de las cavidades nasales de los seres humanos. Los tipos de coronavirus se identificaron en años siguientes como SARS-CoV en 2003, HCoV NL63 en 2004, HKU1 en 2005, MERS-CoV

en 2012 y COVID-19 en 2019. Se sabe que todas ellas son causas de enfermedades respiratorias. [...]

El MERS, que es una enfermedad similar al SARS y al COVID-19, se conoce como "síndrome respiratorio de Oriente Medio". El MERS es una infección por coronavirus detectada por primera vez en Arabia Saudí en 2012. La tasa de mortalidad en MERS es alta en comparación con otras muestras y es de alrededor del 36 %. Al igual que otros miembros de la familia, los síntomas de la enfermedad del tracto respiratorio se observan en el MERS. Desde su detección, ha habido alrededor de 2500 casos de MERS en todo el mundo, y el número de muertes es de alrededor de 800 (Salud Pública de Irán, 2021).

2. ¿Cuáles son los coronavirus reportados en otras especies que pueden ser cercanos al genoma de SARS-CoV-2? Incluye de qué especies son y menciona las referencias de los artículos consultados en PUBMED.

Los coronavirus reportados en otras especies que pueden ser cercanos al genoma de SARS-CoV-2 vienen del murciélago y del pangolín. Del pangolín se derivan las variantes: alpha, beta, delta, gamma, omicron, etc.; y del murciélago vienen las SARS coronavirus: Cp/Yunnan2011, HKU3, Rp1, Rf1/2004, etc. (NCBI, 2020).

En cambio, algunos animales que poseen la capacidad de ser infectados por el SARS-CoV-2 son los cerdos, hurones, gatos y los primates. Debido a lo cual, bien podrían ser modelos para experimentación y/o huéspedes intermediarios. (Reina, 2020).

A diferencia del SARS-CoV la cual es casi idéntica al SARS-CoV-2, se ha demostrado que se ha pasado por un proceso evolutivo de adaptación de las células humanas ya que después de la primera pandemia de SARS-CoV en el año 2003 se encontraron 16 coronavirus de los cuales solo 2 eran en humanos y los otros 14 se encontraban en animales. Diez de ellos se presentaban en mamíferos y eran los siguientes “bat SARS coronavirus”, “bat coronavirus HKU2”, “bat-CoV HKU4”, “bat-CoV HKU5”, “bat-CoV HKU8”, “bat-CoV HKU9”, “bat-CoV 512/2005”, “bat-Cov 1A”, “Coronavirus equino”, y “Coronavirus de ballena beluga”. y 4 coronavirus aviares “Turkey Coronavirus”, “Coronavirus HKU11”, “Thrush Coronavirus HKU12”, “Munia Coronavirus HKU13”. (Yuen, 2009)

3. En relación con la situación actual reflexiona, ¿qué propondrías que se deba hacer durante la contingencia del SARS-CoV-2 en comunidades de bajos recursos? Si tu vivieras en una situación de escasos recursos, ¿qué harías? Justifica tu respuesta.

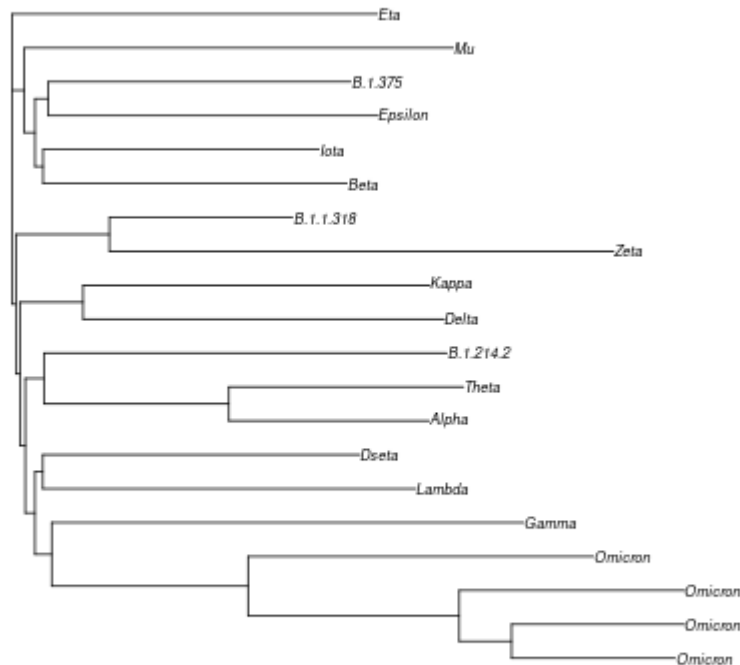
Si se quiere tener una contención efectiva de cualquier virus que pueda llegar a provocar una pandemia, o que en sí, pueda llegar a ser mortal, no hay soluciones “simples” o “rápidas”, ya que estamos hablando de grandes poblaciones y en este caso comunidades de bajos recursos. Como ya lo mencionamos, estamos hablando de una comunidad de bajos recursos, por lo que no sería tan fácil como indicarles que se queden en sus casas para evitar el contagio, o asistir a un hospital por cuidados ya que esto requiere mucho dinero. Una solución podría ser que el gobierno destine dinero para poner estaciones en estas comunidades donde apliquen pruebas gratis, o den información a cualquier persona que tenga dudas; también podría ser un lugar donde regalen cubrebocas, gel antibacterial, medicamentos, etc; de la misma forma, podría poner un lugar especial para tratar a las personas que ya están infectadas y poder controlar de mejor manera la enfermedad. Esto, en coordinación con el cuerpo del ejército, ya que aunque no todos son doctores, están entrenados para contener situaciones peores y tratar

enfermedades. Mucho del presupuesto del país va dirigido al ejército, con esta propuesta, este dinero sería mejor utilizado y se utilizaría la experiencia de dicho programa para ayudar a la población.

Si yo estuviera en esta situación, aunque no me fuera posible quedarme en cuarentena, seguiría todas las medidas recomendadas para evitar contagiarme y/o contagiar a las personas que están a mi alrededor. En algunos lugares, venden líquidos desinfectantes a un precio accesible, entonces compraría ese líquido para estar desinfectando mi casa y mi ropa; aparte, si tengo que salir, usar el cubrebocas de manera adecuada e intentar mantener una distancia prudente entre las personas. Principalmente, mejoraría mis hábitos de aseo, acudiría a centros de salud que proporcionen chequeos gratuitos y que puedan brindarme información verídica en caso de que tenga alguna duda.

Árbol Filogenético:

Árbol Filogenético de Variantes de Sars-CoV-2



En el árbol filogenético se observa que la mayor similitud entre las variantes son de las que provienen del mismo país:

Las variantes de omicron, que en su mayoría fueron reportadas por primera vez en Sudáfrica, son las que conservan mucha similitud, y se puede explicar también que cada subvariante de omicron viene de ligeras mutaciones de la primera variante de omicron BA.1.

De la misma forma, las variantes kappa y delta provenientes de la india se encuentra una gran similitud entre ellas, debido a las características del lugar de procedencia.

Lambda está relacionada de alguna forma junto con gamma, siendo ambos provenientes de sudamérica, y relacionándose con las variantes de omicron,

provenientes de África, estas relaciones pueden ser por los ambientes parecidos con respecto a los climas que se presentan en esas áreas.

Después de analizar profundamente e identificar las variables junto al país de procedencia podemos concluir que las variables se empiezan a diversificar entre ellas hablando del lugar en el que se presentaron en primera instancia.

Interpretación gráfica

Composición de Adenina:

Las variantes theta, junto con Omicron BA4, Omicron BA1, Lambda, Delta y Alpha presentan una cantidad muy similar de adeninas, la mayoría de las variantes rondan alrededor de estas siendo un promedio, pero las variantes Zeta, Delta, Iota, B1.1 son las más desfasadas.

Composición de Timina:

Al igual que la composición de timina se sigue encontrando la misma similitud con las variantes Theta, Omicron BA4, Omicron BA1, Lambda, Delta y Alpha, pero a estas se les suma Omicron BA5, Omicron BA2, Omicron BA1, Kappa, y las mismas variantes desfasadas siendo Zeta, Delta, Iota, B1.1 y teniendo una cantidad notablemente baja a comparación de las antes mencionadas.

Composición de Guanina:

Theta, Lambda, Eta, Omicron BA2, Mu, Kappa, Gamma, y B1.376 presentan la misma cantidad de Guanina, por detrás de estas se encontrarían Omicron BA1, Omicron BA4, y Epsilon, por último se vuelven a encontrar Zeta, Delta, Iota, B1.1

Composición de Citosina:

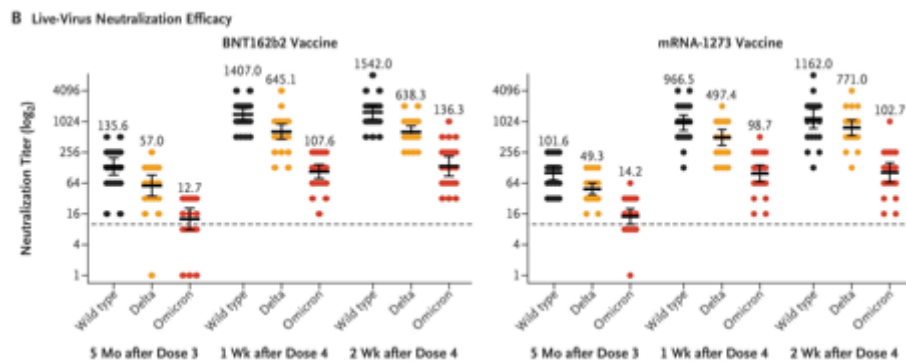
Se vuelve a presentar los mismos casos de las gráficas pasadas en las cuales Omicron BA4, Omicron BA1, Lambda, Delta y Alpha presentan una cantidad muy similar de Citosina, siendo el promedio y por último Zeta, Delta, Iota.

Si analizamos de la tabla en general y basándonos en la primera aparición de cada variante, siendo el país de origen podemos deducir que, el país de origen influye demasiado en la formación de este, en sus características internas, y del país de origen no es solo la región pero las características de ellas ya que hemos notado que se encuentran demasiadas coincidencias en variantes con países de origen que llegan a tener características de región en común, como las variantes lambda y gamma siendo provenientes de países casi vecinos, países sudamericanos, otro ejemplo serían las variantes de omicron todas estas provenientes de África.

Conclusiones

Como ya se mencionó en la parte de arriba, el país de origen de la variante determina muchas de sus características, así que esto nos ayuda a tener un registro y actualizar los planes de contingencia actuales. Al observar el árbol filogenético y la gráfica de la comparación de las bases, podemos concluir que a pesar del tiempo que lleva existiendo el Covid, las mutaciones no han alterado mucho la composición del genoma del virus. El árbol filogenético también nos permite ver el rastro de variabilidad que ha tenido el Covid y seguirle la pista al virus.

El hecho de que podamos saber las alteraciones al genoma está a nuestro favor porque podemos mantener los tratamientos y medidas preventivas contra el Covid-19 y no poner en riesgo los grandes avances que hemos llevado en estos 2 años de pandemia. Aunque las variantes sigan progresando, podemos afirmar que las vacunas siguen funcionando a pesar de haber sido realizadas con base en la cepa original. Si bien es cierto que se ha reducido en gran medida su eficacia contra la infección sintomática, la prevención contra enfermedades graves y muertes sigue siendo muy buena contra las variantes (tomando en cuenta las dosis de refuerzo).



En esta gráfica se muestran los resultados obtenidos de la efectividad de las vacunas contra las 2 variantes de preocupación que circulan por el mundo: Omicron y Delta. Se confirma lo dicho anteriormente que las vacunas siguen funcionando, pero comprometiendo su efectividad. “La eficacia de la vacuna contra cualquier infección por SARS-CoV-2 fue del 30% (intervalo de confianza [IC] del 95%, -9 a 55) para BNT162b2 y del 11% (IC 95%, -43 a 44) para el ARNm-1273” (Hopkins, 2022).

Sin embargo, será importante que en un futuro cercano se analice la posibilidad de cambiar la cepa utilizada para crear las vacunas, ya que el virus no dejará de mutar y se seguirá alejando del genoma original creando la necesidad real de cambiar la estrategia. Menciona Mandavilli (2022) en su artículo en The New York Times *Vacunas de refuerzo contra la covid: esto hay que saber sobre la cuarta dosis:*

La repetición de la dosis también ofrece resultados decrecientes. El equipo de Pepper tiene pruebas que sugieren que una cuarta exposición al virus —ya sea a través de la infección o de la vacuna— no hará que la inmunidad sea más fuerte que después de la tercera.

También existe la preocupación de que el refuerzo repetido con la versión original de la vacuna haga que el cuerpo sea menos receptivo a las versiones futuras. “Cuando se refuerza con la misma cepa en vez de usar cepas diferentes, no aprovechas la inversión”, dijo Omer.

Con todo esto nos queda claro que, es de suma importancia no solamente entender muy bien el virus y cómo este funciona, sino también es importante conocer sus variantes y llevar un seguimiento de los países en qué surgieron y todas sus características. Es por esto que los árboles filogenéticos y el tipo de gráfica que usamos, son extremadamente útiles en estas situaciones.

Referencias:

- Janice Hopkins Tanne. (2022) Covid-19: Pfizer pide al regulador estadounidense que autorice la cuarta dosis de vacuna para mayores de 65 años. BMJ, o711.
- Mandavilli, A. (2022, 5 abril). *¿Debes recibir otra vacuna de refuerzo contra la covid?* The New York Times. Recuperado 7 de mayo de 2022, de <https://www.nytimes.com/es/2022/04/04/espanol/segundo-refuerzo-covid.html>
- NCBI. (2020). Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=694009>
- NCBI. (s. f.). SARS-CoV-2 Data Hub. NCBI Sequences. Recuperado 2 de mayo de 2022, de https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/virus?SeqType_s=Nucleotide&VirusLineage_ss=Severe%20acute%20respiratory%20syndrome%20coronavirus%202,%20taxid:2697049
- Salud Pública de Irán. (2021). *Una visión general de 50 años de la familia del coronavirus con técnicas de mapeo científico: una revisión*. PubMed Central. Recuperado 2 de mayo de 2022, de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8219623/>
- Reina, J. (2020). El SARS-CoV-2, una nueva zoonosis pandémica que amenaza al mundo. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7270469/#:~:text=Los%20animales%20que%20sí%20han,%2C%2017%2C%2018%2C%2019.>
- Yuen, K. (2009, Junio 22). Coronavirus diversity, phylogeny and interspecies jumping. PubMed. Retrieved May 5, 2022, from <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19546349/>