

Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey

Campus Estado de México

Análisis de biología computacional

Grupo 203

Evidencia 2 - Proyecto Integrador

Profesor:

Dr. Alberto Cristian López Calleja

Equipo:

Arturo Barrios Mendoza	A01168331
Lucio Arturo Reyes Castillo	A01378985
Leyberth Jaaziel Castillo Guerra	A01749505
Aislinn Ruiz Sandoval	A01750687
David Sánchez Báez	A01798202
Arturo Alejandro Paniagua Romero	A01749736

1 de mayo de 2023

Segunda Parte - Proyecto Integrador

Liga del Video: <https://youtu.be/NH50zp5nnvU>

Introducción

La situación actual del COVID-19 en el mundo ha tomado un camino alentador pues, como menciona el Financiero, el director de la Organización Mundial de la Salud, OMS, Tedros Adhanom Ghebreyesus, ha sugerido que el “2023 podría ser el año en el que se declare el fin de la emergencia por COVID-19 en el mundo”.

Investigación

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

Con base en el artículo de “SARS-Cov2- gained a novel spike protein S1-N-Terminal Domain (S1-NTD)” el origen del virus SARS-CoV-2 es un tema de interés y de alto debate. Hablando con un tecnicismo, el SARS-CoV-2 ha obtenido un nuevo dominio denominado S1-N-terminal de la proteína S1-NTD. Se menciona que en el artículo el análisis de Cluster Analysis of Sequences (por sus siglas en inglés CLANS) encontró una relación con los virus OC43 y HKU1. Además de que reveló cercanía con MERS-Cov, de tipo 1 al 3 tipo S1-NTD y los linajes Pangolin-gx y Pangolin-Guangdong heredaron la proteína S1-NTD.

“In our CLuster ANalysis of Sequences (CLANS) analysis, SARS-CoV/SARS-CoV-2 S1-NTDs displayed a close relationship with OC43 and HKU1. However, in the complete and S1-NTD-free spike protein, SARS-CoV/SARS-CoV-2 revealed closeness with MERS-CoV.” (Perumal A, Nagarajan K, Dharma K, 2022).

El linaje de los virus BANAL-20-13, BANAL-20-236 y Pangolin-Guangdong que contienen S1-NTD tipo II están muy cerca del SARS-CoV-2. Posiblemente, sugiere que el gen de pico del ancestro común del virus similar al SARS-CoV-2/RaTG13/BANAL-20-52 puede haber evolucionado mediante la recombinación del virus similar a Pangolin-Guangdong/BANAL-20-103/BANAL-20-236 gen de la espiga a Pangolin-GX-like Type-I-like-S1-NTD en el murciélago no muestreado o en el huésped intermedio no descubierto o posiblemente en el pangolín.

"Furthermore, our analysis clarifies the possibility that Type-II S1-NTDs may have evolved from Type-A-S1-NTD of SARS-CoV-related viruses through Type-I S1-NTDs. We also observed that BANAL-20-103, BANAL-20-236, and Pangolin-Guangdong-lineage viruses containing Type-II-like S1-NTD are very close to SARS-CoV-2 in spike genetic areas other than S1-NTD" (Perumal A, Nagarajan K, Dharma K, 2022).

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.

De acuerdo a PUBMED a raíz del descubrimiento del SARS-CoV-2 se han llevado a cabo diversas investigaciones para entender de donde proviene y de qué manera evolucionó tan rápido. En este caso al ser un virus se ha descubierto que la peritonitis infecciosa felina causada por el coronavirus pero en felinos (FCov). Es importante mencionar que se ha vuelto de una manera irremediamente mortal hasta los últimos años, siendo uno de los tantos coronavirus que existen en la medicina veterinaria.

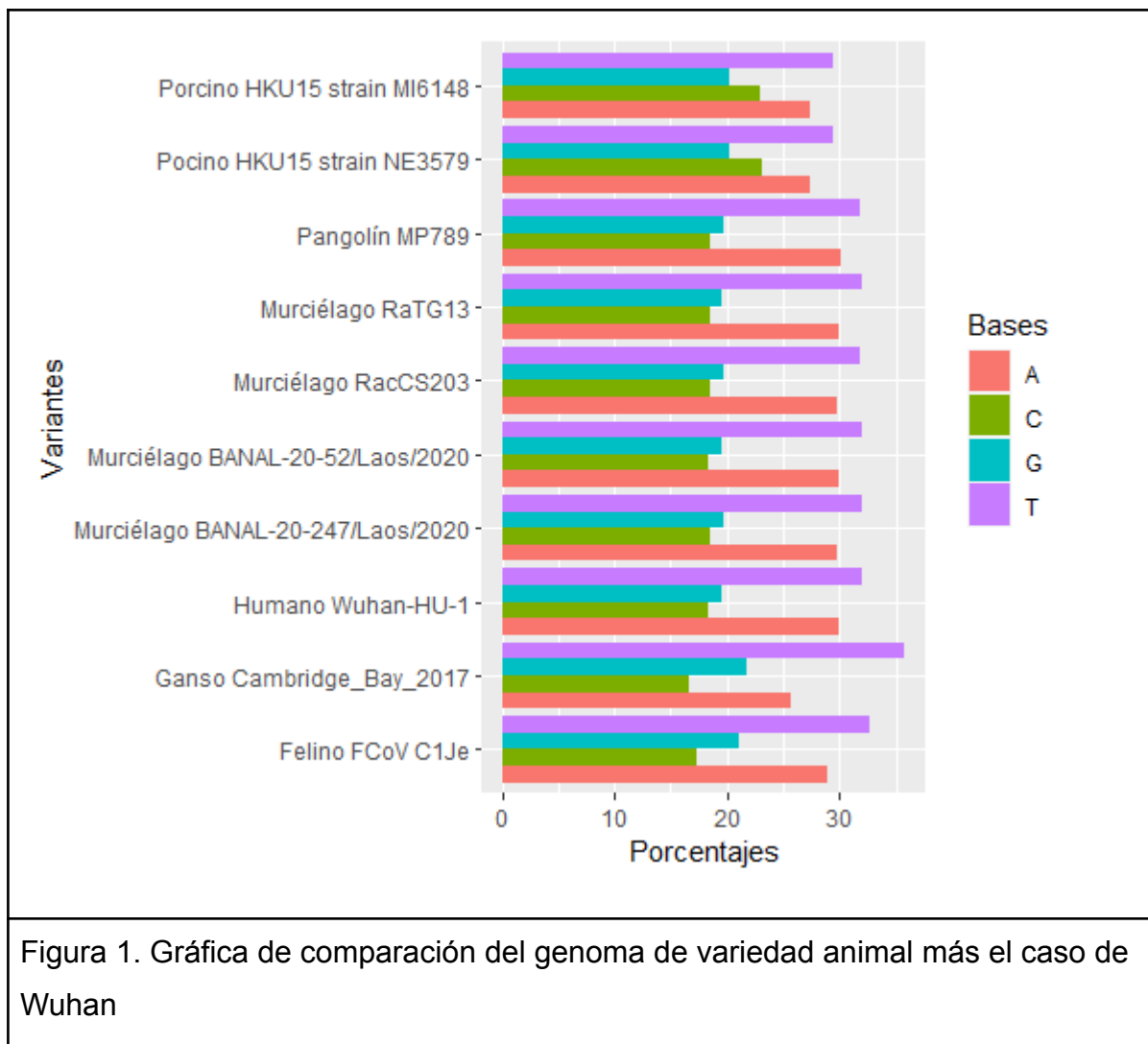
En el artículo menciona que hay una relación y es de interés para poder entender los aspectos patológicos del SARS-CoV-2 en humanos. Además un descubrimiento importante son los eventos tipo patógenos e inmunopatológicos en los Gatos (FIP) parecen estar presentes con personas que tuvieron COVID-19.

"Feline infectious peritonitis (FIP) is a disease of felids caused by the feline coronaviruses (FCoV). FIP has been considered irremediably deadly until the last few years" (Salviero P, 2020)

Un virus relacionado con el SARS-CoV-2 es el SC2r-CoV, el cual se ha detectado en múltiples especies de murciélagos *Rhinolophus*. Sin embargo, se ha encontrado el SC2r-CoV en gatos, perros, tigres, leones, gorilas, leopardos, hurones, pumas, nutrias, etc. mediante un contagio de humano a animal. Incluyendo que el coronavirus en murciélagos RaTG13 y BANAL-103 contiene una gran similitud con el SC2r-CoV en una mayoría de los genes. Las variantes Alfa, Delta y Mu del SARS-CoV-2 fueron detectadas igualmente en perros, gorilas, leones, tigres, nutrias y gatos en EE. UU., India, República Checa, Bélgica y Francia con similitudes genéticas en secuencias humanas, esta mutación se detectó tanto en humanos como en gatos domésticos. "La variante α se detectó como 2,6 % en el gato, 4,8 % en el perro, el 14,3 % en el tigre, el 66,7 % en el gorila y el 77,3 % en el león" (Islam et al., 2021)

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.

Para comunidades de bajos recursos deberíamos de proponer varias acciones, como por ejemplo: Garantizar el acceso a suministros básicos de manera equitativa y justa, podríamos establecer brigadas que vayan a los hogares a repartir vacunas y los recursos necesarios para mantener a la comunidad con un buen estado de salud. También podríamos apoyarnos de organizaciones que estén trabajando para ayudar personas que estén en un momento difícil.



En la figura anterior, encontramos que las secuencias son muy similares entre sí entre cada variedad, los decimales de diferencia entre cada uno depende del animal, ya que, al no actuar todos de la misma manera y al tener diferencias en su estructura genética, el virus actúa de distinta forma aunque la replicación sea de la misma forma; tal sería el caso de la variación original en el humano. Sin embargo, encontramos variaciones del virus en el mismo animal pero sin estar lejos del virus original, demostrándolo en el nombre de cada variación, por el motivo de que algunas especies pueden presentar algún otro tipo de virus por lo que su genoma cambia.

Arbol Filogenético de Covid entre especies

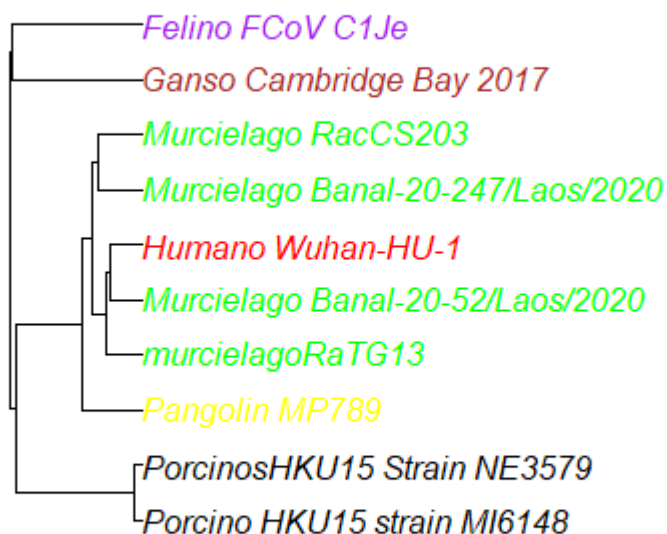


Figura 2. Árbol filogenético

El árbol filogenético también permite observar que el coronavirus más similar a la variante original en humanos, Wuhan-HU-1, es el coronavirus de murciélago BANAL-20-52/Laos/2020, seguido de la rama que incluye otros dos coronavirus de murciélagos; el RacCS203 y el BANAL-20-247/Laos/2020. Esto no es una prueba sólida de que la pandemia por SARS-CoV-2 haya sido ocasionada por un contagio de animales, en este caso murciélagos, a humanos, no obstante, estas secuencias presentan un alto grado de similitud, lo que recuerda que es necesario tener medidas de cuidado al trabajar con animales, pues los coronavirus son una variedad de muchos virus distintos que presentan altas similitudes entre sus variedades de animales y humanos. Basta recordar los casos de gripe aviar o influenza porcina que han provocado preocupación en años anteriores a la pandemia por Covid-19.

Interpretación de las gráficas obtenidas en R

La opción en la cual nos centramos fue, investigar las secuencias de los coronavirus en 9 especies que sean similares al SARS-CoV-2 más la variedad original de Wuhan. Las secuencias se obtuvieron de NCBI buscando el genoma completo para poder investigarlo y así relacionar sus similitudes y diferencias entre cada uno junto con el original. Las 9 secuencias son las siguientes:

Variedad original	Nombre	Identificador	Link
Original de Wuhan	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome	NC_045512.2	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_045512.2?report=genbank
Variedad en animales			
Coronavirus de murciélago	Bat coronavirus RaTG13, complete genome	MN996532.2	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/MN996532.2?report=genbank
Coronavirus de murciélago	Bat coronavirus isolate BANAL-20-52/Laos/2020, complete genome	MZ937000.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/MZ937000.1
Coronavirus de pangolín	Pangolin coronavirus isolate MP789, complete genome	MT121216.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/MT121216.1
Coronavirus de murciélago	Bat coronavirus RacCS203, complete genome	MW251308.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/MW251308
Coronavirus felino	Feline coronavirus strain	DQ848678.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/DQ848678.1

	FCoV C1Je, complete genome		nlm.nih.gov/nuccore/DQ848678.1
Coronavirus porcino	Porcine coronavirus HKU15 strain MI6148, complete genome	KJ620016.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KJ620016.1
Coronavirus de ganzo	Canada goose coronavirus strain Cambridge_Bay_2017, complete genome	NC_046965.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_046965.1
Coronavirus de murciélago	Bat coronavirus isolate BANAL-20-247/Laos/2020 , complete genome	MZ937004.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MZ937004.1
Coronavirus porcino	Porcine coronavirus HKU15 strain NE3579, complete genome	KJ584359.1	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KJ584359.1

Referencias

- Chao L, Kuan R, Eng, G. (2021). Animal Coronavirus Diseases: Parallels with COVID-19 in Humans Recuperado de:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34452372/>
- Desingu, P. U., Nagarajan, K., y Dharma, K. (2022). SARS-COV-2 gained a novel spike protein S1-N-terminal domain (S1-NTD). *Environmental research* 211.
<https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.113047>
- Islam, A., Ferdous, J., Sayeed, M. A., Islam, S., Kaisar Rahman, M., Abedin, J., Saha, O., Hassan, M. M., & Shirin, T. (2021). Spatial epidemiology and genetic diversity of SARS-CoV-2 and related coronaviruses in domestic and wild animals. *PloS one*, 16(12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260635>
- Paltrinieri, S., Giordano, A., Stranieri, A., y Lauzi, S. (2021). Feline infectious peritonitis (FIP) and coronavirus disease 19 (covid-19): Are they similar? *Transboundary and emerging diseases* 68(4): 1786-1799.
<https://doi.org/10.1111/tbed.13856>