

Evidencia 1 | Análisis Inicial

Brenda Elena Saucedo González - A00829855

22/04/2021

Parte 1

1. ¿Cuál es la situación actual de COVID-19 a nivel mundial y en México?

Tras el brote de la enfermedad por la nueva cepa de coronavirus (COVID-19) que se produjo en la ciudad de Wuhan en China, se ha registrado una rápida propagación a escala internacional, con un aumento exponencial del número de casos y muertes, sin mencionar el cierre de comercios, el enorme decrecimiento en la economía mundial, así como también el escaso material y atención médica con la se cuentan en los hospitales, esto debido a la gran cantidad de gente que requiere atención para un virus que muy apenas se puede controlar.

Actualmente, el COVID-19 sigue afectando a millones de personas alrededor del mundo, pero a comparación de como habíamos estado a inicios de pandemia, la situación está "más controlada" a nivel mundial, como por ejemplo, ya no hay compras de pánico, ya se permiten algunos envíos internacionales, se abrieron algunos comercios y se permiten pequeñas reuniones, las cuales son permitidas siempre y cuando se cumplan y se sigan los protocolos sanitarios. También lo que aligero el pánico mundial, es la llegada de las vacunas para poder combatir el virus y poder tener la esperanza de controlar la pandemia y de esta forma regresar a nuestra vida cotidiana que llevábamos antes de la pandemia en un futuro no muy lejano.

La situación actual en México, es un poco preocupante, ya que los ciudadanos se están empezando a confiar al ver el decrecimiento de los casos con el paso de los días, sumándole a esto la llegada de las vacunas, sin mencionar el pensamiento que tenemos sobre "un familiar o amigo es imposible que te contagie", por lo que muchos de nosotros salimos a reuniones, las cuales en la mayoría no se sigue ningún protocolo sanitario, causando un aumento en la cantidad de casos en el país, y aún más en días festivos, como lo es la Semana Santa, donde ya están apareciendo nuevos casos confirmados.

2. ¿Cuál fue la primera variante del virus que se propagó a todo el mundo?

La primera variante del virus que se propagó a todo el mundo fue el SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2), siendo el primer caso reportado en Wuhan, China, y de ahí empezó a propagarse a todo el mundo.

3. ¿Cuáles son las otras variantes del virus que existen en otras regiones del mundo?

Algunos ejemplos son:

- En el Reino Unido esta la variante B.1.1.7 o 20I/501Y.V1
- En Sudáfrica esta la variante B.1.351 o 20H/501Y.V2
- En Brazil esta la variante P.1 o 20J/501Y.V3
- En Estados Unidos estan las variantes B.1.427 o 20C/S:452R, y B.1.429 o 20C/S:452R

4. ¿Cómo buscarías información de la variante del virus en México?

Para encontrar las variantes del virus en México, me apoyaría de la base de datos del NCBI, ya en la página buscaría el virus, y ya hallada la secuencia del virus, me centraria en solo buscar las variantes del virus de dicho país.

5. Imagina que te encuentras en una situación similar a la de Li Wenliang, médico chino que intentó alertar sobre el brote de coronavirus en su país, pero fue detenido por las autoridades y obligado a retractarse, ¿qué harías en su caso? Selecciona un inciso y justifica tu respuesta

a) Lo reportas al centro de investigación o la universidad.

b) Lo reportas a la prensa.

c) Guardas la información.

a) Lo reportas al centro de investigación o la universidad.

Elijo esta opción porque la información adquirida pudiera ser una falsa alarma hasta que no se demuestre lo contrario con más investigaciones, en caso de exponer la información sin datos que confirmen la hipótesis, se estaría causando panico mundial por la incertidumbre en lo referente a los rumores no comprobados científicamente, en cambio, reportandolo a centros de investigaciones, estos tomarían nota y empezarían a realizar protocolos de investigación referente a su diagnostico, prevención y/o tratamiento para su seguimiento y control.

Parte 2

```
library(Biostrings)
```

```
## Loading required package: BiocGenerics
```

```
## Loading required package: parallel
```

```
##
```

```
## Attaching package: 'BiocGenerics'
```

```
## The following objects are masked from 'package:parallel':
```

```
##
```

```
## clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,
```

```
## clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,
```

```
## parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB
```

```

## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##   IQR, mad, sd, var, xtabs

## The following objects are masked from 'package:base':
##
##   anyDuplicated, append, as.data.frame, basename, cbind, colnames,
##   dirname, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get, grep,
##   grepl, intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget,
##   order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Position, rank,
##   rbind, Reduce, rownames, sapply, setdiff, sort, table, tapply,
##   union, unique, unsplit, which.max, which.min

## Loading required package: S4Vectors

## Loading required package: stats4

##
## Attaching package: 'S4Vectors'

## The following object is masked from 'package:base':
##
##   expand.grid

## Loading required package: IRanges

##
## Attaching package: 'IRanges'

## The following object is masked from 'package:grDevices':
##
##   windows

## Loading required package: XVector

##
## Attaching package: 'Biostrings'

## The following object is masked from 'package:base':
##
##   strsplit

```

1° SECUENCIA DE LAS VARIANTES DE SARS-CoV-2

(Solo se usaron las 3 primeras variantes descritas en la Parte 1)

Variante B.1.1.7 del Reino Unido

```

variante_UK <- readDNASTringSet(filepath = "MW531680.1_B.1.1.7_UK.fasta")
variante_UK

```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29796 TGTAGATCTGTTCTCTAAACGAA...ATTTTAATAGCTTCTTAGGAGAA MW531680.1 Severe...
```

Variante P.1 de Brazil

```
variante_BR <- readDNASTringSet(filepath = "MW642250.1_P.1_Brazil.fasta")
variante_BR
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29859 ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAG...TGATTTTAATAGCTTCTTAGGAG MW642250.1 Severe...
```

Variante B.1.351 de Sudáfrica

```
variante_ZA <- readDNASTringSet(filepath = "MW789246.1_B.1.351_ZA.fasta")
variante_ZA
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29834 CCCAGGTAACAAACCAACCAACT...TAATAGCTTCTTAGGAGAATGAC MW789246.1 Severe...
```

2° LONGITUD DE LAS SECUENCIA DE CADA VARIANTE

Variante B.1.1.7 del Reino Unido

```
variante_UK_len <- length(variante_UK[[1]])
variante_UK_len
```

```
## [1] 29796
```

Variante P.1 de Brazil

```
variante_BR_len <- length(variante_BR[[1]])
variante_BR_len
```

```
## [1] 29859
```

Variante B.1.351 de Sudáfrica

```
variante_ZA_len <- length(variante_ZA[[1]])
variante_ZA_len
```

```
## [1] 29834
```

3° GRAFICA DE RESUMEN PARA COMPARAR LA COMPOSICION DE NUCLEOTIDOS DE LAS VARIANTES DEL VIRUS

```

variante_UK_frec <- letterFrequency(x = variante_UK, letters = DNA_BASES, as.prob = T)
variante_BR_frec <- letterFrequency(x = variante_BR, letters = DNA_BASES, as.prob = T)
variante_ZA_frec <- letterFrequency(x = variante_ZA, letters = DNA_BASES, as.prob = T)
matriz_variantes <- rbind(variante_UK_frec, variante_BR_frec, variante_ZA_frec)
rownames(matriz_variantes) <- c("B.1.1.7", "P.1", "B.1.351")
matriz_variantes

```

```

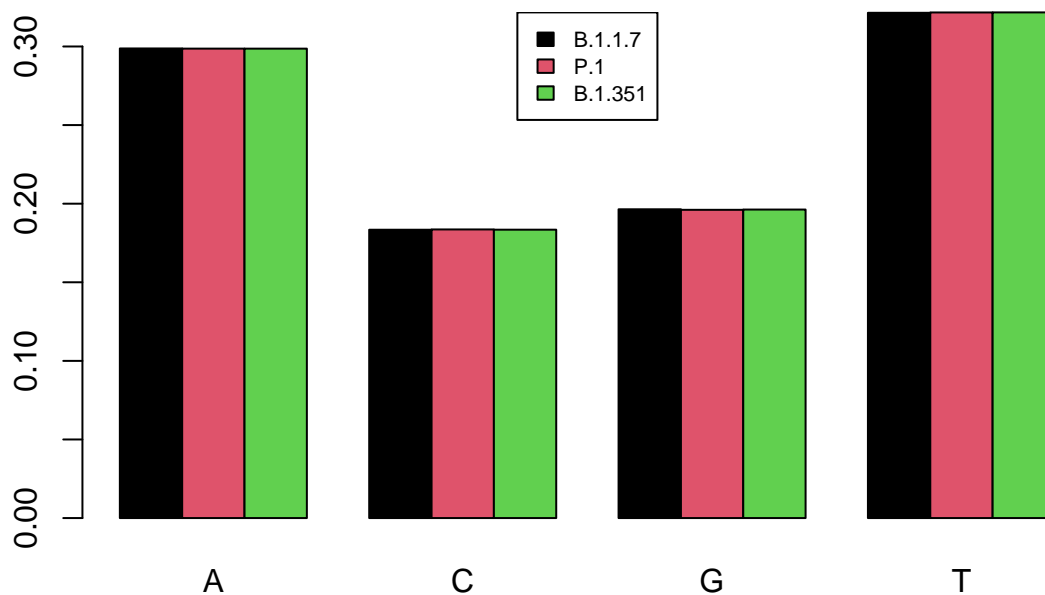
##           A           C           G           T
## B.1.1.7 0.2987314 0.1834139 0.1964358 0.3214190
## P.1      0.2986369 0.1835962 0.1960883 0.3216451
## B.1.351 0.2986190 0.1834484 0.1962526 0.3216800

```

```

barplot(matriz_variantes, col = 1:3, beside = T)
legend("top", legend = c("B.1.1.7", "P.1", "B.1.351"), fill = 1:3, horiz = F, cex = 0.7)

```



4. CONTENIDO %GC DE CADA VARIANTE

Variante B.1.1.7 del Reino Unido

```

variante_UK_frec_GC <- letterFrequency(x = variante_UK, letters = "GC", as.prob = T) * 100
variante_UK_frec_GC

```

```

##           G|C
## [1,] 37.98496

```

Variante P.1 de Brazil

```
variante_BR_frec_GC <- letterFrequency(x = variante_BR, letters = "GC", as.prob = T) * 100
variante_BR_frec_GC
```

```
##           G|C
## [1,] 37.96845
```

Variante B.1.351 de Sudáfrica

```
variante_ZA_frec_GC <- letterFrequency(x = variante_ZA, letters = "GC", as.prob = T) * 100
variante_ZA_frec_GC
```

```
##           G|C
## [1,] 37.9701
```

5. SECUENCIA CONTRASENTIDO DE CADA VARIANTE (REVERSE)

Variante B.1.1.7 del Reino Unido

```
variante_UK
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29796 TGTAGATCTGTTCTCTAAACGAA...ATTTTAATAGCTTCTTAGGAGAA MW531680.1 Severe...
```

```
variante_UK <- reverse(variante_UK)
variante_UK
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29796 AAGAGGATTCTTCGATAATTTTA...AAGCAAATCTCTGTCTAGATGT MW531680.1 Severe...
```

Variante P.1 de Brazil

```
variante_BR
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29859 ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAG...TGATTTTAATAGCTTCTTAGGAG MW642250.1 Severe...
```

```
variante_BR <- reverse(variante_BR)
variante_BR
```

```
## DNASTringSet object of length 1:
##      width seq                                     names
## [1] 29859 GAGGATTCTTCGATAATTTTAGT...GACCCTTCCATATTTGGAAATTA MW642250.1 Severe...
```

Variante B.1.351 de Sudáfrica

```
variante_ZA
```

```
## DNASTringSet object of length 1:  
##      width seq                                     names  
## [1] 29834 CCCAGGTAACAAACCAACCAACT...TAATAGCTTCTTAGGAGAATGAC MW789246.1 Severe...
```

```
variante_ZA <- reverse(variante_ZA)  
variante_ZA
```

```
## DNASTringSet object of length 1:  
##      width seq                                     names  
## [1] 29834 CAGTAAGAGGATTCTTCGATAAT...TCAACCAACCAACAATGGACCC MW789246.1 Severe...
```

6. INTERPRETACIÓN DE LAS GRÁFICAS

Observando cada una de las gráficas, se pudo analizar que cada una de las variantes del SARS-CoV-2 incluidos en esta evidencia, contienen aproximadamente la misma cantidad de nucleótidos, con una diferencia muy mínima. Esto sucede porque las variantes son mutaciones de la secuencia del virus original, razón por la cual su comportamiento y sus secuencias son similares, sin mencionar que estas mutaciones pueden provocar menor o mayor letalidad, menor o mayor riesgo de contagio, menor o mayor resistencia, etc.

Referencias

Expertos del Centro de Recursos sobre el Coronavirus de Johns Hopkins. (2020). COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University (JHU). abril 20, 2021, de Johns Hopkins University & Medicine Sitio web: <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>

Anónimo. (s.f.). Informes de situación de la COVID-19. abril 20, 2021, de Organización Panamericana de la Salud Sitio web: <https://www.paho.org/es/informes-situacion-covid-19>

Galván, G. (2020). La crisis mundial que viene tras el Covid-19. abril 20, 2021, de El Universal Sitio web: <https://www.eluniversal.com.mx/mundo/la-crisis-mundial-que-viene-tras-el-covid-19>

Anónimo. (s.f.). COVID-19. abril 22, 2021, de Secretaría de Salud de Coahuila Sitio web: <https://www.saludcoahuila.gob.mx/COVID19/>

adn40. (2021). Cuántas variantes de la COVID-19 se han registrado en el mundo. abril 20, 2021, de TV Azteca Sitio web: <https://www.adn40.mx/salud/nota/notas/2021-02-02-11-56/cuantas-variantes-covid-19-registrado-mundo-jalisco-especial>

Anónimo. (2021). SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. abril 20, 2021, de CDC Sitio web: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>

CNN. (2020). Coronavirus whistleblower doctor is online hero in China. abril 20, 2021, de Youtube Sitio web: <https://www.youtube.com/watch?v=eEUQCxP5Lvc>

Anónimo. (s.f.). CUALES SON LA VARIANTES DEL VIRUS QUE PRODUCE COVID-19?. abril 22, 2020, de Cable A Tierra Sitio web: <https://www.cableatierra.com/noticias/coronavirus-20/cuales-son-las-variantes-del-virus-que-produce-covid-19-23948>