

Evidencia 1: Análisis inicial

Contents

1	Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Monterrey	1
1.1	Análisis de biología computacional - BT1013	1
1.2	Introducción	1
1.3	Propuesta	2
1.4	Para el proyecto, tenemos planeado hacer un análisis de las secuencias del virus en México de febrero a diciembre de 2020, y de febrero a diciembre de 2021. Esto con el objetivo de encontrar los cambios que experimentó el SARS-CoV-2 en su estructura durante estos periodos de tiempo. Analizaremos principalmente los genes S, M, E y N, los cuales han demostrado tener un papel importante en la construcción de la estructura del virus, especialmente el gen S. A partir de los resultados que obtengamos, se podrán extraer diversas conclusiones, por ejemplo, si encontramos una cantidad relevante de mutaciones en el gen S, entonces podría implicarse que dichas mutaciones estuvieron involucradas en el aumento de la transmisibilidad del virus y/o en la efectividad de las vacunas. Además, podríamos obtener información valiosa sobre la evolución del virus.	2
1.5	Desarrollo	2

1 Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Monterrey

1.1 Análisis de biología computacional - BT1013

1.1.1 Desirée Espinosa Contreras - A01425162

1.1.2 Dulce Nahomi Bucio Rivas - A01425284

1.2 Introducción

La pandemia de COVID-19, provocada por el virus SARS-CoV-2, tuvo su inicio en el año 2020, cuando la Organización Mundial de la Salud declaró la epidemia originalmente situada en China como una emergencia de salud internacional, para posteriormente ser declarada como pandemia. En la actualidad, la pandemia continúa en un estado activo, habiendo alcanzado una cifra estimada de 676,609,955 casos de coronavirus a nivel mundial, con un total de 6,881,955 lamentables muertes, según la Universidad Johns Hopkins. Asimismo, en México, se estima un total de 7,483,444 casos diagnosticados y 333,188 muertes por COVID-19.

Para nuestro enfoque de estudio es importante definir qué es una variante, la cual es un genoma viral (código genético) que puede incluir una o más mutaciones. La primera variación detectada fue la Alfa B.1.1.7, la cual fue observada por primera vez en el suroeste de Inglaterra y se caracteriza por ser entre 30% y 70% más contagiosa que el virus original.

Existen variables características descubiertas en distintas regiones del mundo que fueron principalmente bajo observación, tales son:

Variante Alfa B.1.1.7: Descubierta en Reino Unido, fue la variable dominante a nivel mundial hasta el año 2021 con una frecuencia mayor al 80% en regiones tales como Europa y América del Norte.

Variante Beta B.1.351: Detectada en Sudáfrica, siendo mayoritariamente dominante en esta región pero en otras no rebasando una frecuencia del 20%. Caracterizada únicamente por tener mayor carga vírica pero no se encontró ni se demostró nada más acerca de su transmisibilidad.

Variante Gamma P1: Procedente de la Amazonas Brasileña se convirtió en la más dominante en América del Sur mientras que en otras regiones la frecuencia no supera el 10%, siendo caracterizada por ser más contagiosa.

Variante DELTA B.1.617.2: Encontrada en la India, esta variante dio señales de ser más contagiosa y resistente a vacunas y tratamientos. Fue la variante responsable del colapso del sistema sanitario en ese país, así como de su propagación por 26 países de la región europea de la OMS.

1.3 Propuesta

1.4 Para el proyecto, tenemos planeado hacer un análisis de las secuencias del virus en México de febrero a diciembre de 2020, y de febrero a diciembre de 2021. Esto con el objetivo de encontrar los cambios que experimentó el SARS-CoV-2 en su estructura durante estos periodos de tiempo. Analizaremos principalmente los genes S, M, E y N, los cuales han demostrado tener un papel importante en la construcción de la estructura del virus, especialmente el gen S. A partir de los resultados que obtengamos, se podrán extraer diversas conclusiones, por ejemplo, si encontramos una cantidad relevante de mutaciones en el gen S, entonces podría implicarse que dichas mutaciones estuvieron involucradas en el aumento de la transmisibilidad del virus y/o en la efectividad de las vacunas. Además, podríamos obtener información valiosa sobre la evolución del virus.

1.5 Desarrollo

Iniciaremos el análisis de las secuencias, utilizando las diferentes herramientas que nos ofrece R.

```
#Inicializamos la librería que nos permite leer secuencias en formato fasta, también leemos ambas secue
library(seqinr)
library(knitr)

mx_2020 = read.fasta("2020_sequences_mx.fasta")
mx_2021 = read.fasta("2021_sequences_mx.fasta")

mutations = data.frame(
  mutation = character(),
  pos_global = integer(),
  cambioCodon = character(),
  cambioAmino = character(),
  gen = character()
)

aminoacido = function(codon) {
  aminoacid = switch(
    codon,
```

```

"GCU" = "A", "GCC" = "A", "GCA" = "A", "GCG" = "A",
"CGU" = "R", "CGC" = "R", "CGA" = "R", "CGG" = "R",
"AGA" = "R", "AGG" = "R", "AAU" = "N", "AAC" = "N",
"GAU" = "D", "GAC" = "D", "UGU" = "C", "UGC" = "C",
"CAA" = "Q", "CAG" = "Q", "GAA" = "E", "GAG" = "E",
"GGU" = "G", "GGC" = "G", "GGA" = "G", "GGG" = "G",
"CAU" = "H", "CAC" = "H", "AUU" = "I", "AUC" = "I",
"AUA" = "I", "UUA" = "L", "UUG" = "L", "CUU" = "L",
"CUC" = "L", "CUA" = "L", "CUG" = "L", "AAA" = "K",
"AAG" = "K", "AUG" = "M", "UUU" = "F", "UUC" = "F",
"CCU" = "P", "CCC" = "P", "CCA" = "P", "CCG" = "P",
"UCU" = "S", "UCC" = "S", "UCA" = "S", "UCG" = "S",
"AGU" = "S", "AGC" = "S", "ACU" = "T", "ACC" = "T",
"ACA" = "T", "ACG" = "T", "UGG" = "W", "UAU" = "Y",
"UAC" = "Y", "GUU" = "V", "GUC" = "V", "GUA" = "V",
"GUG" = "V"
)
return (aminoacid)
}

```

1.5.0.1 Bibliografía – Ferrer, R. (2020). Pandemia por COVID-19: el mayor reto de la historia del intensivismo. *Medicina Intensiva*, 44(6), 323-324. <https://doi.org/10.1016/j.medin.2020.04.002>

– COVID-19 Map - Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. (s.f.). Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>

– Updated working definitions and primary actions for SARSCOV2 variants. (s.f.). Retrieved April 25, 2023, from <https://www.who.int/publications/m/item/historical-working-definitions-and-primary-actions-for-sars-cov-2-variants>

– Pulido, S. (2021). Variantes Covid por países: Un análisis completo y experiencias en Reino Unido y ee.uu con Los Test Genéticos. Retrieved April 25, 2023, from <https://economidelasalud.com/topics/difusion/variantes-covid-por-paises-un-analisis-completo-y-experiencias-en-reino-unido-y-ee-uu-con-los-test-geneticos/>