

# Evidencia 1

Materia:

BT1013: Análisis de Biología Computacional

Maestro:

Hera Andrade Zaldívar y Rubén Álvarez González.



Equipo:

A00227714 José Miguel Beltrán Cinco.

Tecnológico de Monterrey, Cd. Obregón, Sonora a 21 de abril del 2021

El presente trabajo tiene como objetivo estudiar la naturaleza del virus SARS-CoV-2, más conocido como COVID-19, enfocándonos en cómo el ADN afecta su comportamiento y los cambios que provocan las diferentes variantes del mismo.

El trabajo se encuentra estructurado en dos secciones.

La primera de ellas, una etapa de investigación general del tema y el impacto del COVID-19, se encuentra conformada por una investigación del impacto del coronavirus en nuestro país, México, donde nos centramos en las estadísticas básicas obtenidas de bases de datos nacionales e internacionales para entender el impacto y magnitud que supone una pandemia, además de una investigación general de las posibles variantes del virus, centrándonos en las características de la secuencia cero y las variantes que se les presta más atención en la actualidad.

La segunda etapa se encuentra conformada por una investigación del ADN del COVID-19, centrada en su estructura, propiedades y características, con el objetivo de compararlas con otras variantes registradas en la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Finalmente, la presente investigación tiene el objetivo de no solo mostrar los resultados, sino también el impacto y la diferencia que tiene una investigación de esta magnitud en jóvenes ingenieros interesados, siendo este un punto de enfoque único de esta investigación.

La situación actual de Covid-19 en el mundo a 25 de marzo del 2021 es la siguiente:

125,242,661 Casos alrededor del mundo (13vo Lugar en el mundo) (John Hopkins University, 2020)

2.208.755 Casos en México

69,739 en Sonora

2,749,771 Muertes alrededor del mundo

199, 627 Muertes en México (Tercer Lugar después de US y Brasil)

6,200 muertes en Sonora

71,003,681 Casos de recuperación alrededor del mundo

1,748,317 Casos de recuperación en México

57,150 Casos de Recuperación en Sonora

4,947,552 Dosis de Vacunas aplicadas, 3.84 vacunas aplicadas por cada 100 personas. (World Health Organization, 2021)

Asimismo:

9.5% Fatalidad en personas infectadas,

8.89% Fatalidad en personas infectadas en Sonora

2,268,12 infectados por cada 100,000 habitantes en sonora

123,379 Pruebas de Covid realizadas en Sonora (Gobierno del Estado de Sonora, 2021)

A inicios de la pandemia teníamos pocos conocimientos acerca del COVID-19, hoy en día se cree que la primera variante del virus de SARS-CoV-2 fue hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019, abreviada como “WIV04/2019” (Nagy et al., 2021). Hay razones para creer que esta variante fue la primera en infectar a los humanos y por ello se le conoce como “secuencia cero”, por lo tanto, las pruebas de los cambios de las variantes se basan en esta (TNYT, 2021).

En Reino Unido surgió una nueva variante conocida como B.1.1.7 la cual empezó a amenazar desde noviembre del 2020. Se determinó que era hasta 70% más contagiosa que variaciones anteriores del virus y un 30% más letal. Por otro lado, en septiembre del 2020 representó un cuarto de los casos pero en tan solo 3 meses ya representaba dos tercios de los casos totales y actualmente es la variante que genera mayor preocupación en el mundo. (Kirby, T, 2021)

Simultáneamente, surgieron dos variantes del en Brasil y Sudáfrica nombradas P.1 y B.1.351 respectivamente, las cuales llamaron la atención del mundo y fueron puestas bajo investigación. La variante B.1.351 Tiene un aumento de transmisión del 50% y además, es resistente a la vacuna ChAdOx1 nCoV-19, pues dos dosis no fueron suficientes para contrarrestarla (Madhi et al., 2021). Por otro lado, la variante P.1 es más difícil de tratar, pues muestra resistencia a los sueros de convaleciente y postvacunación y al tratamiento de anticuerpos monoclonales (Centros de Control y Prevención de Enfermedades, 2020).

En la actualidad, estas tres variantes son el foco de preocupación contra el Coronavirus, encontrar vacunas y tratamiento contra estas es necesario para controlar la pandemia, lo cual se toma en cuenta en las investigaciones y planes de acción más recientes.

Asimismo, con el objetivo de esclarecer el alcance de nuestra investigación, es necesario estudiar el comportamiento del virus en nuestro país, específicamente, buscaremos información obtenida por investigadores mexicanos que están estudiando el virus, pues son los más cercanos a los datos y la fuente. Esto podría ser en reportes de investigación que han publicado los científicos o en información dada por el gobierno en sus bases de datos abiertas.

Actualmente, los integrantes del equipo se enfrentaron al desafío de ponerse en el lugar de los científicos e investigadores del COVID-19. Tomamos como referencia el caso de Li Wenliang, el médico que se le atribuyó el descubrimiento del virus pero fue silenciado por su país. Las opiniones de los integrantes del equipo son las siguientes:

Jorge Esteban: Yo lo que haría sería reportar el virus a un centro de investigación o universidad primero porque junto con ellos podemos pensar en cómo podemos prevenir que el virus se expanda, y con el apoyo de ellos podría informar a las personas sobre el virus y evitar la mayoría de los contagios.

José Miguel: Creo que la decisión varía según el país en el que nos encontremos, China, por ejemplo, es un país cuya gran prosperidad radica en el control de la población, y ante un posible caos masivo, naturalmente, intentaron controlarlo tanto como fuese posible. Teniendo esto en cuenta, creo que informaría anónimamente a otras universidades/organizaciones/países para evitar problemas legales en mi contra que me pongan en riesgo, pues como médico, creo que mi prioridad sería resolver un problema antes de que sea grande.

Manuel Ochoa: Lo que haría sería reportarlo al centro de investigación o a la universidad, como investigador estas instituciones serían mi recurso más valioso y

el metodo mas facil para llegar a toda la comunidad ya sea científica o general, no debería meterse con la prensa como primera opción ya que eso podría ser visto como sensacionalismo y podrían tacharse como algún conspiranoico por lo que no me harían caso, lo cual sería lógico al no haber presentado ni un artículo sobre el tema, pero ya al haber buscado el apoyo de estas instituciones reconsideraría de hacer ambas cosas en ese orden para mayor fidelidad en la información.

Asimismo, continuando con la segunda parte de la investigación, donde nos centramos en el análisis de los nucleótidos de diferentes variantes del Covid-19 (SARS-CoV-2). La investigación consideró las variantes mencionadas en la primera parte, además de una variante descubierta en México, formando en total cinco variantes para su estudio, contando la secuencia cero.

Los resultados de dicha investigación pueden encontrarse en los siguientes enlaces, en el primero, se encuentra un enlace hacia el repositorio conteniendo la información, datos y scripts utilizados. El segundo enlace lleva parte a un resumen de los resultados obtenidos.

Enlace al repositorio: <https://github.com/Jomomo05/BiologiaComputacionalBTCOB>

Enlace hacia la investigación:

<https://jomomo05.github.io/BiologiaComputacionalBTCOB/>

Dicha investigación se centró en el análisis de las variantes de manera cuantitativa de los nucleótidos, los resultados obtenidos respaldan que la diferencia entre la cantidad y distribución de nucleótidos entre las variantes es mínima, casi nula, por lo que se plantea la siguiente hipótesis: “Las mutaciones ocurridas en las secuencias

de ADN, al menos para virus, pueden acreditarse a la reorganización de nucleótidos sobre la pérdida o ganancia de los mismos”.

El presente documento concluye con el planteamiento de dicha hipótesis, considerando el análisis cuantitativo de las diferentes variantes del COVID-19, asimismo, este documento, quizá mas interpretable como una bitácora de investigación, tiene el objetivo de no solo mostrar los resultados, si no una imagen mental de los miembros del equipo durante la realización del proyecto, habiendo así logrado una mayor inmersión en la investigación, habiendo trabajado en un ambiente igual al de científicos e investigadores que ejercen su profesión, logrando mostrar resultados avalados por datos e investigaciones, además de conclusiones, aunque estos últimos en forma de hipótesis, logrando así una investigación de alta calidad.

## Bibliografía

Centros de Control y Prevención de Enfermedades. (2020, 11 febrero).

Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2.

Centers for Disease Control and Prevention.

<https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>

Chen, Y., Klein, S. L., Garibaldi, B. T., Li, H., Wu, C., Osevala, N. M., Li, T.,

Margolick, J. B., Pawelec, G., & Leng, S. X. (2021). Aging in

COVID-19: Vulnerability, immunity and intervention. Ageing research reviews, 65, 101205. <https://doi.org/10.1016/j.arr.2020.101205>

CONACYT. (2021). *COVID-19 Tablero Mexico*. COVID - 19 Mexico.

<https://datos.covid-19.conacyt.mx/>

Gobierno del Estado de Sonora & Secretaria de Salud. (2021). *COVID-19 SONORA*. COVID-19 En Sonora. <https://covid19data.unison.mx/>

John Hopkins University. (2020). *COVID-19 Map*. Johns Hopkins Coronavirus

Resource Center. <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>

Kirby, T. (2021, 5 enero). New variant of SARS-CoV-2 in UK causes surge of

COVID-19. *The Lancet*.

[https://www.thelancet.com/journals/lanres/article/PIIS2213-2600\(21\)00005-9/fulltext#articleInformation](https://www.thelancet.com/journals/lanres/article/PIIS2213-2600(21)00005-9/fulltext#articleInformation)

Nagy, Á., Pongor, S., & Győrffy, B. (2021). Different mutations in SARS-CoV-2 associate with severe and mild outcome. *International journal of*

antimicrobial agents, 57(2), 106272.

<https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.106272>

Madhi, S. A., Baillie, V., Cutland, C. L., Voysey, M., Koen, A. L., Fairlie, L., Padayachee, S. D., Dheda, K., Barnabas, S. L., Bhorat, Q. E., Briner, C., Kwatra, G., Ahmed, K., Aley, P., Bhikha, S., Bhiman, J. N., Bhorat, A. E., du Plessis, J., Esmail, A., Groenewald, M., ... NGS-SA Group Wits–VIDA COVID Group (2021). Efficacy of the ChAdOx1 nCoV-19 Covid-19 Vaccine against the B.1.351 Variant. *The New England journal of medicine*, 10.1056/NEJMoa2102214. Advance online publication. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2102214>

Roberts, B. M. (2021, 16 marzo). What are the Brazil, South Africa and UK variants and will vaccines work? BBC News.

<https://www.bbc.com/news/health-55659820>

TNYT. (2021, 25 marzo). *Mapa de coronavirus en México*. The New York Times.

<https://www.nytimes.com/es/interactive/2020/espanol/america-latina/coronavirus-en-mexico.html>

World Health Organization. (2021). *Mexico: WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard*.

<https://covid19.who.int/region/amro/country/mx/>

World Health Organization. (2021b, enero 22). SARS-CoV-2 Variants.

<https://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/en/>

Worldometer. (2021). *Mexico Coronavirus: 2,208,755 Cases and 199,627 Deaths - Worldometer*.

<https://www.worldometers.info/coronavirus/country/mexico/>