



# Tecnológico de Monterrey

**Tecnológico de Monterrey** - Análisis biológico  
computacional

**Profesor:** César Pérez Almazán

Por:

Daniel Emilio Fuentes Portaluppi  
Daniel Munoz Lozano  
Liliana Solarzano Perez

| A01708302  
| A01721797  
| A01641392

## Índice

### Parte 1

Contexto: Situación problema .....	2
Virus SARS-CoV-2: un análisis profundo .....	2
El impacto del COVID-19 en el mundo .....	3
El impacto del COVID-19 en México .....	5
Experiencias personales; el impacto del COVID-19 en mi municipio (Monterrey, Nuevo León) .....	6
¿Cuál fue la primera variante del virus que se propagó a todo el mundo? .....	6
¿Cuáles son las otras variantes del virus que existen en otras regiones del mundo?.....	7
¿Cómo buscarías información de la variante del virus en tu país?.....	8
El caso de Li Wenliang.....	9

### Parte 2

Tamaño de la secuencia de las variantes del virus.....	10
Longitud de las secuencias de cada variante.....	11
Gráfica comparativa gráfica de las bases de ADN que componen a cada una de las variantes del virus.....	11
Porcentaje de GC de cada variante.....	12
secuencias contrasentido de cada variante del virus.....	14
Interpretación escrita de las gráficas que se integraron en el documento.....	15

# Parte 1

## Contexto: Situación problema

A lo largo de esta unidad de formación adquirirás competencias que te permitirán desarrollar las sub-competencias asignadas a esta materia y alcanzar los niveles de dominio esperados.

Para ello, abordaremos una situación problema, la cual tendrás que resolver, ya que te servirá como eje para garantizar tu aprendizaje y el desarrollo de dichas competencias.

A través de esta problemática tendrás que investigar sobre uno de los virus que ha afectado en gran manera al país, determinar y establecer relaciones filogenéticas, determinando patrones y tendencias, así como hacer uso de herramientas de programación para establecer un análisis de datos.



## Virus SARS-CoV-2: un análisis profundo

A finales de 2019 la ciudad de Wuhan, en la provincia de Hubei (una ciudad de China con más de 11 millones de habitantes), se convirtió en el centro de una epidemia de neumonía de causa desconocida con implicaciones globales.

Se sabe que las pruebas serológicas son una herramienta muy útil para confirmar la infección por un patógeno en la población y, combinadas con datos epidemiológicos y clínicos, permiten estimar la gravedad y la transmisibilidad del patógeno e identificar los grupos de población que han sido infectados, así como aquellos que siguen siendo susceptibles. Por ello, cada vez más requerimos datos moleculares como las secuencias de ácidos nucleicos de los virus para conocer su origen y potencialidad epidemiológica.

En la siguiente investigación se tratarán diversos temas acerca del análisis biológico del virus al igual que el gran impacto que ha tenido en la propagación alrededor del mundo. Se trabajará con una metodología meramente objetiva, con una recopilación de datos

cuantitativos y cualitativos, tomados de fuentes previamente revisadas a profundidad y verificadas.

## **El impacto del COVID-19 en el mundo**

El virus COVID-19, más conocido popularmente como coronavirus, ha tenido un gran impacto por todo el mundo, siendo declarado pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2020, Secretaría de Salud, 2020).

Este comenzó a llamar la atención mundial de las organizaciones de salud de todos los países en el momento en el que se comenzaron a registrar miles de casos de COVID-19 en Wuhan, China, provincia de Hubei en el 2019. Los casos aumentaron rápidamente, donde se extendieron por toda China, generando miles de muertes.

“Es posible que durante varias semanas este virus pasara desapercibido, en una ciudad de 11 millones de habitantes y al inicio de la temporada estacional de gripe, hasta que se dio la alerta por el aumento de casos graves (neumonía), y se logró aislar e identificar el coronavirus COVID-19 en varios pacientes.” Trilla, A. (2020).

Con base en lo anterior, se tuvieron que decretar varias medidas de control y prevención para reducir la propagación de este virus. De acuerdo con el artículo Un mundo, una salud: la epidemia por el nuevo coronavirus COVID-19, el gobierno de China decretó las siguientes medidas de prevención que se basan en la epidemiología clásica, tales como: “identificar y aislar a los casos, seguir a los contactos y establecer restricciones, incluyendo la cuarentena, en la movilidad, evitando eventos en los que se produzcan aglomeraciones de personas.” Trilla, A. (2020).

Hoy en día, gracias al análisis estadístico realizado por Johns Hopkins University & Medicine, se conoce una aproximación de los casos totales registrados a nivel mundial en el 2022 con un total de 374.262.208 casos registrados de personas que padecen COVID-19, con una cantidad de muertes registradas a nivel mundial de 5.662.562 personas.

En el siguiente gráfico se puede observar los países que han sido más afectados por el COVID-19 a partir del primero de enero de 2022, estando a nivel mundial en primer lugar,

Estados Unidos con una cantidad de casos registrados de 19.277.249 casos. Del mismo modo, se observa en segundo lugar mundialmente con más casos registrados a Francia, con 8.631.663 casos registrados.



Grafico recuperado de JHU.edu Copyright © 2022 by Johns Hopkins University & Medicine. All rights reserved. Obtenido de <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>

En un principio se estimaba que el riesgo de importación de este virus era bajo, de acuerdo con las investigaciones realizadas, se estimaba que este era de 5-10% aproximadamente. Con el tiempo se fueron detectando varios casos importados en Alemania, España, Francia, Finlandia, Italia, Reino Unido y Suecia, con algunos casos secundarios.

A partir de ese momento, los países tomaron varias medidas preventivas ante el virus, a consecuencia, cerraron sus fronteras para evitar la propagación y contener el virus. Esto trajo devastadoras consecuencias en todo el mundo.

# El impacto del COVID-19 en México

México es uno de los países que se ha visto afectado por este virus, teniendo un total de casos registrados a partir del primero de enero del 2022 al 28 de enero de este mismo año de 927.227 casos.

México ha sido uno de los países más afectados del mundo por la pandemia del COVID-19. Probablemente se ha subestimado el verdadero impacto de la pandemia, y el presidente López Obrador, así como el Ministerio de Salud, han tenido problemas para liderar el país desde el principio. Si bien los casos y las muertes continúan aumentando, se necesita un liderazgo y una unidad más fuertes para limitar el impacto del COVID-19 en la salud de millones de mexicanos. R. G. (2020).

“La respuesta de México al COVID-19 ha sido controvertida y criticada desde el comienzo del brote. México ha implementado un sistema de vigilancia epidemiológica centinela, en lugar de una estrategia de pruebas masivas, para contar y reportar casos. A principios de mayo, el Ministerio de Salud estimó que aproximadamente 104 562 personas habían tenido COVID-19” R. G. (2020).

Con base en la cita anterior se determinó que el gobierno mexicano ha tomado la propagación del virus COVID-19 a la ligera, sin embargo, dentro del país se ha impartido aproximadamente 165.170.233 dosis de vacunación, donde a consecuencia, los mexicanos han proseguido a actuar con menos cautela ante esta epidemia. Con más de 200 000 casos confirmados a la fecha, el verdadero impacto del COVID-19 podría estar muy subestimado por la población en general, sin embargo, el gobierno mexicano declaró que, para poder entrar a establecimientos donde la población es aglomerada, siendo estos restaurantes, bares, antros, lugares de eventos sociales, entre otros, es necesario contar con un certificado de vacunación, donde se establece que, el individuo ha sido vacunado con las dos dosis que ayudan a combatir el COVID-19. Gracias a esto, se ha logrado regular de cierta forma la cantidad de contagios, ya que, la mayor cantidad de personas que se encuentran en eventos sociales, deben de estar vacunadas, siendo esto una medida de prevención para evitar el contagio en familiares cercanos de estas personas.

# **Experiencias personales; el impacto del COVID-19 en mi municipio (Monterrey, Nuevo León)**

El 11 de marzo del 2020 llegó por primera vez un hombre de 57 años infectado con SARS-CoV-2 a Monterrey. Al día siguiente, en la tarde del 12 de marzo, se anunciaron los cierres de las escuelas y algunos espacios públicos hasta nuevo aviso. La vacunación contra el COVID comenzaría hasta el final del año, el 24 de diciembre del 2020. Durante ese tiempo hubieron estrictas medidas de cuarentena y contención. Solo se podía salir para compras esenciales, y la mayoría de los oficios pasaron a una modalidad remota gracias al apoyo de la tecnología. Sin embargo, Monterrey experimentó su primera gran ola de contagios durante el mes de diciembre, debido a que estas mismas medidas se habían relajado.

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

La primera variante del virus que se propagó a nivel mundial fue el el SARS-CoV-2 un virus emergente provocó una crisis global de salud pública, responsable de provocar la Covid-19 (Coronavirus disease 2019).

“los primeros casos registrados de la enfermedad sucedieron en la ciudad de Wuhan (China), en un grupo de personas que tenían contacto directo o indirecto con el Mercado de Frutos de Mar de Huanan, donde existe comercio de animales vivos y abatidos, como perros, serpientes, murciélagos, aves y otras especies de animales silvestres” Delai, R., Freitas, R., & Biondo, W. (2021)

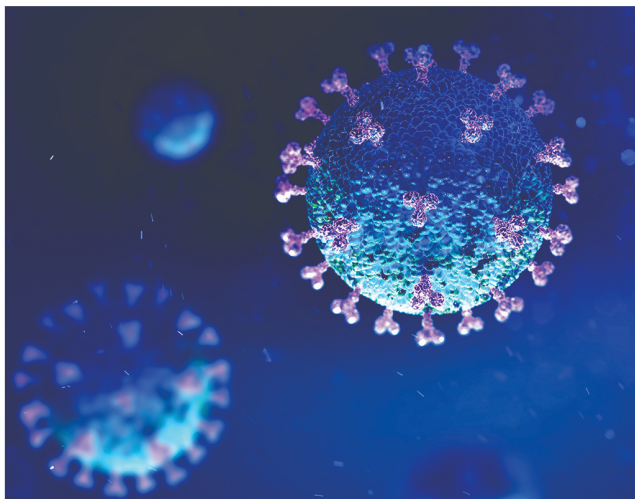


Ilustração em 3D do SARS-CoV-2

Con base en la cita anterior, se han generado miles de hipótesis sobre el origen de la primer variante del coronavirus, entre ellas se encuentra que pudiese ser el murciélago (*Rhinolophus sinicus*), de amplia distribución en Asia, Medio Oriente, África y Europa, capaz de portar diferentes tipos de coronavirus. Sin

embargo, de acuerdo con varios estudios realizados, por el momento no se ha encontrado con ninguna prueba certera de que este provenga de origen animal, ya que, si bien ninguno de los coronavirus identificados en animales es lo suficientemente parecido como para haber sido el origen del SARS-CoV-2 humano.

## **¿Cuáles son las otras variantes del virus que existen en otras regiones del mundo?**

Debido a esta gran crisis epidemiológica, el virus conocido como COVID-19 tuvo varias mutaciones. Ya que, analizando esta situación dentro de la biología, al fin y al cabo es un virus. Lo que significa que este puede generar variaciones de acuerdo a las condiciones que se le impongan, a consecuencia de lo anterior, este virus se ha ido adaptando a diversos cambios.

Por lo tanto una de las variantes que se propagó mundialmente fue el SARS-CoV-2, virus de la familia Coronaviridae, subfamilia Betacoronavirus, en la que también se incluyen dos de los responsables de epidemias: el SARS-CoV y el MERS-CoV. Como similitud de estas mutaciones con el virus original, siendo este el coronavirus, estas poseen uno de los mayores genomas ARN, con aproximadamente 30 kb.

Las mutaciones son eventos naturales y esperados dentro del proceso evolutivo de los virus.

Dentro de cada mutación del virus, existen variantes de esta misma, como lo son las variantes del SARS-CoV-2. La primera variante que se identificó fue la D614G, que apareció entre enero y febrero de 2020, y fue responsable por diseminarse y ser la principal cepa circulante en la población mundial, sustituyendo a la cepa inicial detectada en China.

### **Variantes del SARS-CoV-2**

En noviembre de 2020 se detectó una nueva variante de muestras tomadas en septiembre del mismo año en Reino Unido, a la que se la denominó VOC 202012/01.

Las autoridades de Sudáfrica anunciaron en diciembre de 2020 que una variante nueva estaba diseminándose rápidamente por todo el país. Esta variante sudafricana fue



llamada VOC 501Y.V2 .Esta variante se hizo presente en algunas provincias de Sudáfrica y también fue encontrada en diciembre de 2020 en otros países como Inglaterra, Escocia, Francia, Suecia, Suiza y Corea del Sur. En enero de 2021 fue detectada en Australia.

En California (EUA) fueron detectadas las variantes VOC B.1.427 y la B.1429, relacionadas con un aumento del 20% en la transmisión y en la alteración de respuesta inmune del huésped.

De acuerdo con estudios realizados donde se analiza el comportamiento del virus, este genera mutaciones, de las cuales, de cada mutación surgen variantes, siendo así una cadena infinita de variantes y mutaciones de un solo virus, es por eso que se debe su alta tasa de contagio en diversas regiones del mundo sin importar las condiciones climáticas que se le impongan al virus o las fronteras. Este virus es conocido mundialmente por ser un virus que no discrimina, el cual posee alta tasa de mortalidad en su huésped.

## **¿Cómo buscarías información de la variante del virus en tu país?**

Para poder obtener información fidedigna acerca de la variante del virus en mi país, trataría de recopilar información de todo tipo de fuentes, sin basarse únicamente en una sola fuente. Se debe revisar a profundidad de dónde es que proviene esta información y por quién fue redactada. No es lo mismo recopilar información de una persona común, que de una persona especializada en el tema.

De primera instancia, se trataría de recopilar información directamente de las páginas de gobierno que proporcionan todo tipo de datos ante las posibles nuevas variantes, pero, es verdad que estas carecen, en algunas ocasiones de cierto tipo de datos, por eso es importante recopilar información de diversas fuentes.

En pocas palabras, la mejor forma en la cual recopilar información sobre la variante del virus, sería accediendo a diversas páginas web oficiales del centro de salud, para poder obtener datos claros, específicos y estadísticos.

# El caso de Li Wenliang

En diciembre de 2019, Li, un médico de nacionalidad China, estaba trabajando en el epicentro del brote cuando detectó siete casos de un virus que se asemejaba al SARS, el que provocó una epidemia global en 2003.

“En diciembre de 2019, intentó alertar a sus colegas médicos advirtiéndole sobre un virus que creía que se parecía al SARS, otro coronavirus mortal.

Pero la policía le dijo que "dejara de hacer comentarios falsos" y fue investigado por "propagar rumores". Li Wenliang murió después de contraer el virus mientras trataba a pacientes en Wuhan.” Hegarty, S. (4 de febrero de 2020).

De acuerdo con el caso anterior, desde un punto de vista subjetivo, imaginando que me encuentro 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. Desde mi perspectiva reportaría la información al centro de investigación o universidad justificando el hecho de que varios alumnos presentaban síntomas similares al virus SARS conocido en 2003 el que había ocasionado una epidemia mundial y que hubiese podido agravar.

Teniendo en cuenta que me hicieron firmar un documento que validaba "falsa información y creador de rumores", hubiese sido caótico reportar directamente solo a la prensa, ya que también hubiera sido un tema legal y de derechos porque involucra lo más importante que es la salud de la humanidad siendo más viable seguir insistiendo al centro de investigación, que se trataba de algo realmente grave y que afectaría demasiado a la comunidad. Para que la emergencia sanitaria hubiese comenzado desde mucho antes y no cuando ya era demasiado tarde.

Tal vez el hecho de más investigación temprana y responsabilidad ante la información que se presentaba y los casos reales de las personas con síntomas se hubiesen tomado más en serio, otra historia se estaría contando.

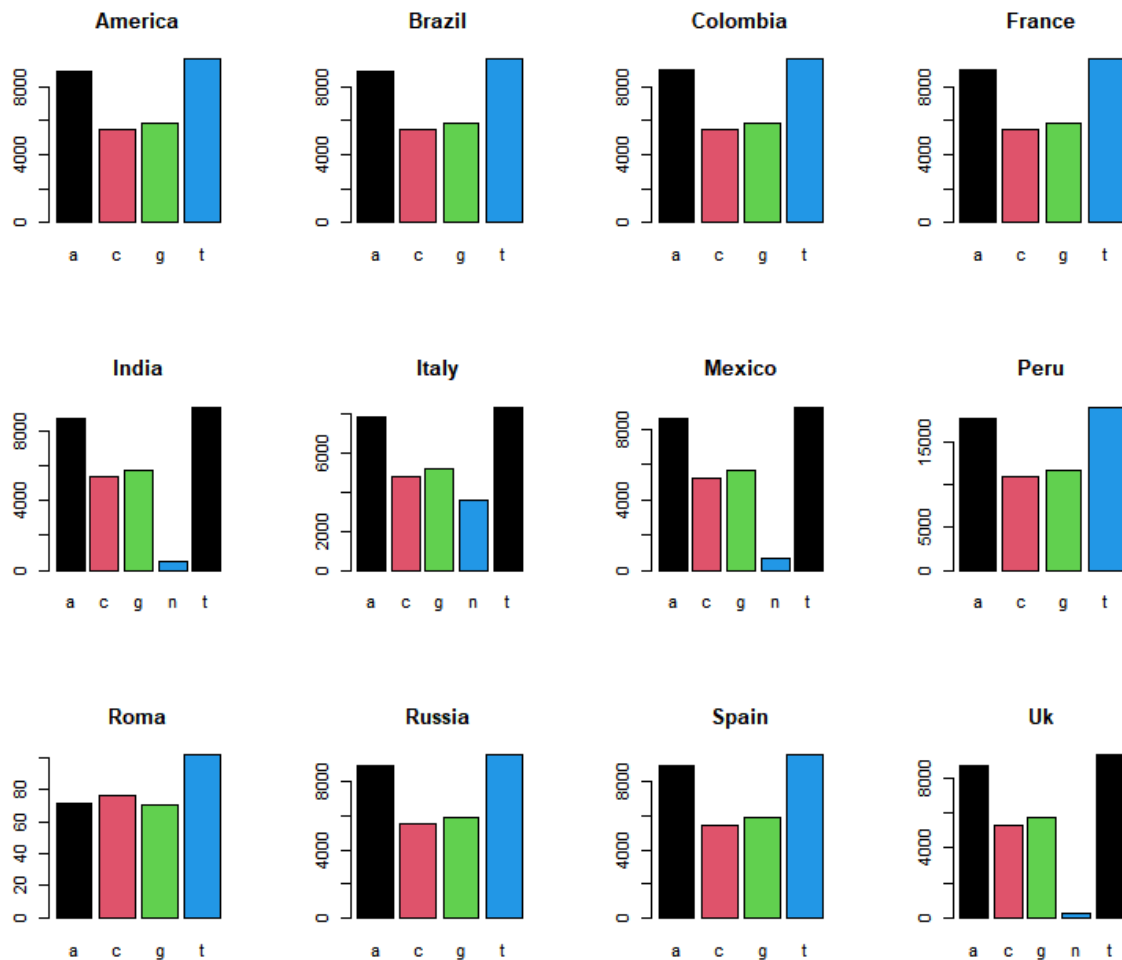
En pocas palabras, debido a la negligencia humana, es que esta pandemia ha llegado a contagiar a más de la mitad de toda la población mundial.

## PARTE 2

**Obtén las secuencias de las variantes de SARS-CoV-2 desde el NCBI (Enlaces a un sitio externo.) o el buscador de virus del NCBI (Enlaces a un sitio externo.) Calcula la longitud de las secuencias de cada variante.**

País	Tamaño de la secuencia
América	29882
Brazil	29858
Colombia	29903
Francia	29903
India	29814
Italia	29720
México	29409
Perú	59526
Roma	322
Rusia	29903
España	29903
Reino Unido	29034

Crea una gráfica donde compares las bases de ADN que componen a cada una de las variantes del virus.



¿Cuál es el %GC de cada variante?

Pías	GC de cada variante. Resultado en (%)
América	0.3799612
Brazil	0.3801326
Colombia	0.379594
Francia	0.3795606
India	0.3803187
Italia	0.3824802

México	0.3791797
Perú	0.3796538
Roma	0.4596273
Rusia	0.3796275
España	0.3796275
Reino Unido	0.3803913

### **Crea las secuencias de contrasentido de cada variante**

#### **América**

**Original:** ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACT...+ bases

> AAAAAAAAAAAAAACAGTAAGAGGATTCTTCGATAATTTTAGT... + 29822 bases

#### **Brazil**

**Original:** ATGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAA...+ bases

> AGGATTCTTCGATAATTTTAGTGTACCCCTATCGTGATGAT... + 29798 bases

#### **Colombia**

**Original:** ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAA...+ bases

> AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTAAG... + 29843 bases

#### **Francia**

**Original:** ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAA...+ bases

> AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTAAG... + 29843 bases

#### **India**

**Original:** AACCAACCAACTTTCGATCTCTTGATAGATCTG...+ bases

> GTGTACCCCTATCGTGATGATTTTAATTAAAATGTGTAATCC... + 29754 bases

### **Italia**

**Original:** CAACCAACTTTCGATCTCTTG TAGATCTGTTCTCTAAACGAAC...+ bases

> AGCATGAGGCGCACCGGAGCCACTTTTACACCACCGAGA... + 29660 bases

### **México**

**Original:** ATGGAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAAACAC...+ bases

> GATACACTCTAATTTCAATTGATGTAGATGAACACGATACAT... + 29349 bases

### **Perú**

**Original:** CTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAG...+ bases

> AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTAAG... + 59466 bases

### **Roma**

**Original:** TTTAGCTTGTTTTGTGCTTGCTGCTGTTTACAGAAT... + bases

> CTAAAGAAATCCGTCCAGGA ACTACAGTGTCGCAGGATCTAC... + 262 bases

### **Rusia**

**Original:** ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACC... + bases

> AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTAAG... + 29843 bases

### **España**

**Original:** ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAA... + bases

> AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTAAG... + 29843 bases

## **Reino Unido**

**Original:** TTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAAC TT TAAAATCTGTGTG... + bases

> ATTTTAGTGTACCCCTATCGTGATGATTTTAATTAAAATGTG... + 28974 bases

### **Agrega una interpretación escrita de las gráficas que integras:**

**Interpretación:** Cada gráfica representa el país donde se llevó a cabo el análisis de la variante del virus. En cada una de estas se muestra la composición de nucleótidos de cada secuencia de ADN. En todas las variantes podemos notar que las bases que más se repiten son las de la Adenina y la Timina. Además de que la cantidad de Citosinas y Guaninas es muy parecida en todas las variantes, siendo esta última más abundante que su contraparte.

## **Bibliografía**

- Delai, R., Freitas, R., & Biondo, W. (2021). Variantes genéticas del SARS-CoV-2. *Revista Clínica Veterinaria*, 26(152).
- JHU.edu Copyright © 2022 por Johns Hopkins University & Medicine. Reservados todos los derechos.
- Ibarra-Nava, I., Cardenas-De La Garza, J. A., Ruiz-Lozano, R. E., & Salazar-Montalvo, R. G. (2020). Mexico and the COVID-19 Response. *Disaster Medicine and Public Health Preparedness*, 14(4), e17-e18.
- Hegarty, S. (4 de febrero de 2020). Coronavirus en China: quién era Li Wenliang, el doctor que trató de alertar sobre el brote y de cuya muerte se cumple un año. *BBC News Mundo*. Recuperado el 30 de enero 2022 de <https://www.bbc.com/mundo/noticias-internacional-51371640>
- Miramontes, O. (2020). Entendamos el COVID-19 en México. *Universidad Nacional Autónoma de México*, 1-37.
- Trilla, A. (2020). Un mundo, una salud: la epidemia por el nuevo coronavirus COVID-19. *Medicina clínica*, 154(5), 175.
- Word Health Organization. (2020). WHO Statement regarding cluster of pneumonia cases in Wuhan, China. Recuperado de: <https://www.who.int/china/news/detail/09-01-2020-who-statement-regarding-cluster-of-pneumonia-cases-in-wuhan-china> (Enlaces a un sitio externo.)
- Word Health Organization. (2020). WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020. Recuperado de: <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>