

Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey
Campus Monterrey



Análisis de biología computacional 211

Evidencia 1

Análisis inicial

Cyrce Danae Salinas Rojas

A01666121

Profesora

Reichel Acuña González

26 de abril del 2024

Parte 1

1. Investiga, ¿Cuál fue la situación del COVID-19 a nivel mundial, en tu país, en tu estado de origen y en tu municipio, alcaldía o colonia entre 2020 y 2022? Puedes iniciar tu búsqueda en el sitio de [Johns Hopkins](https://www.jhu.edu/).

De acuerdo a la información oficial proporcionada por el gobierno mexicano, entre el 2020 y 2022 hubo un total de 7,260,315 casos confirmados en México, de los cuales en la capital, Ciudad de México la cual es también es mi ciudad de origen se confirmaron un total de 1,902,003 casos y 44,235 defunciones. Aunado a esto, la delegación donde yo residía, Benito Juárez, alcanzó los 79,865 casos confirmados y 1,707 defunciones. Con eso dicho, afirmó que al ser una ciudad tan importante y transitada es normal tener esta cantidad de personas contagiadas y defunciones, sin embargo también muestra la falta de preparación que se tuvo en México ante una crisis sanitaria de tal magnitud.

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

El coronavirus de tipo 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2), el virus que causa la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19), posee múltiples variantes notables que corresponden a alteraciones puntuales a nivel de sus diferentes proteínas virales con aparente importancia particular. Las mutaciones o cambios en el ARN viral son detectables a través de la secuenciación genómica completa. Se cree que la secuencia WIV 04/2019 fue la primera en infectar a los humanos, y es conocida como "secuencia cero".

3. ¿Cuáles son las otras variantes del virus que existen en otras regiones del mundo? Menciona al menos 10. **[10 pts]** (*Máximo un párrafo*).

El Departamento de Salud y Servicios Humanos (HHS) de los EE. UU. estableció un Grupo Interagencial por el SARS-CoV-2 (SIG) para mejorar la coordinación entre los departamentos e institutos que buscaban saber más sobre las variantes. SIG caracteriza las variantes emergentes y monitorea su posible impacto en las vacunas, los tratamientos y el diagnóstico, clasifica las variantes en 4 grupos que pueden ir cambiando conforme al comportamiento de la variante. Menciona las variantes de acuerdo a la clasificación dada por SIG para entender un poco más acerca de estas variantes.

- Variante de preocupación (por sus siglas en inglés, VOC)

Son variantes que cumplen con los criterios para ser definidas como variantes de interés, pero que, tras una evaluación comparativa, se ha demostrado que está

asociada a una o más características (aumento de la transmisibilidad, virulencia o Disminución de la eficacia ante medidas de tratamiento)

Variantes con esta clasificación: **Alfa (B.1.1.7)**, **Delta (B.1.617.2)**, **Zeta (P.2)**

- Variante de interés (por sus siglas en inglés, VOI)

Aquellas variantes que presentan cambios en el genoma que, según se ha demostrado o se prevé, afectan a características del virus como su transmisibilidad, la gravedad de la enfermedad que causa y su capacidad para escapar a la acción del sistema inmunitario, ser detectado por medios diagnósticos o ser atacado por medicamentos.

Variantes con esta clasificación: **BA.2.86**, **EG.5.1**, **Epsilon**, **JN.1**, **XBB.1.16**, **XBB.1.5**

- Variante bajo seguimiento (por sus siglas en inglés, VUM)

Variante del SARS-CoV-2 con cambios genéticos que se sospecha que afectan las características del virus y señales tempranas de ventaja de crecimiento en relación con otras variantes circulantes

Variantes con esta clasificación: **B.1.640.1**, **BA.2.75.2**, **CH.1.1**, **XBB.1.9.1**, **XBB.1.9.2**, **XBB.2.3**

4. Describe paso a paso cómo encontrarías la información de la variante del virus que está actualmente en tu país.

1. Buscaría fuentes confiables como lo son la página de seguimiento de casos covid presentes en México o publicaciones de la Organización Panamericana de la salud en las que consultar las variables presentes en México.

2. Una vez identificadas estas variantes, investiga todo lo posible a estas, por ejemplo a que clasificación según la SIG, el porcentaje de distribución dentro de mi país, la población más afectada por ella.

3. Buscaría las secuencias correspondientes en bases de datos como lo son NCBI, Pubmed para posteriormente hacer un análisis con ellas. Utilizaría términos de búsqueda específicos para encontrar los datos relevantes, como el nombre de la variante, el país y la fecha de identificación. Una vez encontradas las secuencias, las descargaría o analizaría directamente en estas plataformas o las utilizaría para realizar análisis posteriores, como comparaciones genéticas entre variantes y estudios epidemiológicos.

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 hubieras hecho tú en su caso si también vivieras en China? ¿cambiaría tu respuesta si vivieras en México? Revisa el siguiente video como apoyo:

Pienso que el doctor Wenliang tenía razón al alertar a la gente a través de un medio tan rápido como lo son las redes sociales, sin embargo pudo ser que para ese momento el gobierno Chino no tenía considerada la magnitud a la que el virus podría extenderse, por lo que el doctor Wenliang pudo ser visto como un médico amarillista. En el lugar del doctor Wenliang, hubiera realizado los documentos pertinentes para alertar al gobierno antes que a la población, para que así se tomarán medidas cautelosas para evitar la propagación del virus y no sólo alertar a la población, ya que muchos podrían tomar medidas de emergencia que realmente no ayudan a evitar la propagación del virus. Si la situación hubiera surgido en México, posiblemente yo hubiera tomado la misma medida del doctor Wenliang, en los últimos años se ha visto como por la difusión de casos como los feminicidios, se genera un caso mediático lo cual obliga a las autoridades correspondiente a dar resultados, pienso que algo similar puede ocasionar el difundir por medios de fácil acceso como las redes este tipo de información que es vital para todos.

Parte 2

Realiza lo siguiente en un script de R y código:

1. Obtén 10 secuencias de las variantes de SARS-CoV-2 desde NCBI o el buscador de virus del NCBI.
2. Calcula la longitud de las secuencias, %GC y las secuencias contrasentido de cada variante. **[20 pts]**
3. Crea una gráfica donde compares las bases de ADN que componen a cada una de las variantes del virus. **[10 pts]**
4. Agrega una interpretación escrita de las gráficas que están íntegras. **[10 pts]**

Recuerda incluir tus datos personales y subir tu entregable a la plataforma **en el formato indicado**.

Bibliografía

COVID-19 Tablero México. (n.d.). COVID - 19 Tablero México.

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

SARS COV2 situation - Region of the Americas - PAHO/WHO | Pan American Health Organization. (2023, August 2).

<https://www.paho.org/en/covid-19-weekly-updates-region-america>

CDC. (2020, March 28). COVID Data Tracker. Centers for Disease Control and Prevention. <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions>

