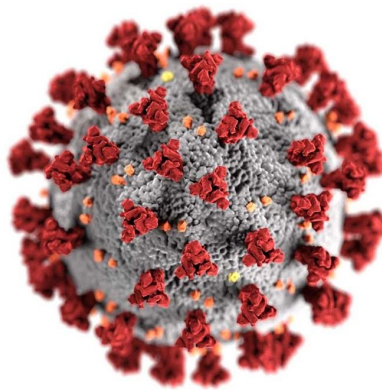


***Evidencia 2: Proyecto integrador***



**Integrantes del equipo:**

Jocelyn Ileana Balderas Sánchez - A01798528

Miguel Angel Galicia Sánchez - A01750744

Omar Rodríguez Montiel - A0175836

José Eduardo Rosas Ponciano - A01784461

Hernán Gael Romero García - A01769342

***Análisis de biología computacional***

Gpo: 201

Alberto Cristian López Calleja

**Fecha de entrega:**

Lunes 01 de mayo de 2023

## Parte 1: Vídeo

Link: <https://youtu.be/nMvlc9noiz4>

### **1.-¿Cuáles son los virus “similares” a SARS-CoV-2 en el mundo? Obtén tus referencias de PUBMED.**

Los virus similares a SARS-CoV-2 que infectan a la especie humana, son los virus pertenecientes al orden *Nidovirales*, familia *Coronaviridae*, subfamilia *Orthocoronavirinae*.

Estos virus son: 229E, OC43, NL63, HKU1, SARS-CoV, MERS-CoV.

Los coronavirus se clasifican en cuatro géneros: alfacoronavirus, betacoronavirus, gammacoronavirus y deltacoronavirus.

En la taxonomía internacional, HCoV-229E y HCoV-NL63 se colocan en los alfacoronavirus mientras que HCoV-HKU1, HCoV-OC43, SARS-CoV y MERS-CoV se clasifican como betacoronavirus.

Y de acuerdo con el artículo “*Properties of Coronavirus and SARS-CoV-2*”, en la secuenciación de última generación para el SARS-Cov-2 se muestra una homología del 79 % con el SARS-CoV (Severe Acute Respiratory Syndrome) y del 50% con MERS-CoV (Middle East Respiratory Syndrome).

### **2.-¿Cuáles son los coronavirus reportados en otras especies que pueden ser cercanos al genoma de SARS-CoV-2? Incluye de qué especies son y menciona las referencias de los artículos consultados en PUBMED.**

De acuerdo con el artículo “*Animal Coronavirus Diseases: Parallels with COVID-19 in Humans*” los virus reportados en otras especies animales cuyo genoma pueden ser cercanos al del SARS-CoV-2 son también virus pertenecientes al orden *Nidovirales*, familia *Coronaviridae*, subfamilia *Orthocoronavirinae*.

El género alfacoronavirus incluye transmisibles virus de la gastroenteritis (TGEV) en cerdos, coronavirus respiratorio porcino (PRCV), porcino virus de la diarrea

epidémica (PEDV), síndrome de diarrea aguda porcina-coronavirus (SADS-CoV), coronavirus canino (CCoV), coronavirus felino, coronavirus de hurón y visón y coronavirus de murciélago (Bat CoV).

Los betacoronavirus incluyen el virus de la hepatitis murina (MHV), coronavirus bovino, coronavirus equino, coronavirus canino coronavirus respiratorio (CRCoV), virus de la encefalomiелitis hemaglutinante porcina, coronavirus de rata, y Bat CoV.

En los deltacoronavirus están el coronavirus de silbón, coronavirus de bulbul, coronavirus de polla de agua, coronavirus de munia, coronavirus de candidiasis bucal y deltacoronavirus porcino (PDCoV).

Finalmente en los gammacoronavirus se incluyen los coronavirus aviares, como el virus de la bronquitis infecciosa aviar (IBV), coronavirus de pavo (TCoV), coronavirus de ganso, coronavirus de pato y coronavirus de gato leopardo asiático. Curiosamente, el coronavirus de ballena beluga pertenece a este género.

**3.-En relación con la situación actual reflexiona, ¿qué propondrías que se deba hacer durante la contingencia del SARS-CoV-2 en comunidades de bajos recursos? Si tu vivieras en una situación de escasos recursos, ¿qué harías? Justifica tu respuesta.**

La contingencia del SARS-CoV-2 ha afectado a todo el mundo, pero las comunidades de bajos recursos son las más vulnerables a esta situación debido a la falta de recursos y acceso limitado a atención médica adecuada. Es por eso que es importante tomar medidas preventivas adecuadas para proteger a estas comunidades.

En primer lugar, una de nuestras propuestas sería aumentar el acceso a la información y la educación sobre la prevención del COVID-19 en estas comunidades, en un lenguaje accesible. Esto podría incluir la distribución de folletos y pósteres informativos, la realización de charlas informativas y la difusión de mensajes a través de medios de comunicación comunitarios.

Además, sería importante proporcionar recursos adicionales, como equipos de protección personal, desinfectantes y suministros médicos, a las comunidades de bajos recursos para ayudar en la prevención de la propagación del virus. Esto podría ser posible a través de donaciones de organizaciones benéficas o del gobierno.

Y si nos encontráramos viviendo en estas condiciones de escasos recursos, las medidas preventivas en las que nos centraríamos serían en la mejora de la higiene (específicamente un buen lavado de manos) y en la ventilación natural al abrir las ventanas y puertas durante la mayor parte del día en la vivienda.

Esto incluiría técnicas de limpieza adecuadas para mantener las superficies y los espacios libres de microorganismos, porque sabemos que el SARS-CoV-2 es un virus con envoltura. Y la envoltura es una membrana compuesta de lípidos, proteínas y glucoproteínas. Y, por lo tanto, sólo puede mantenerse en soluciones acuosas, y se altera fácilmente con el uso de detergentes (como el jabón), lo que resulta en la inactivación del virus. Aquí radica la importancia de buenas medidas de higiene, en especial el lavado de manos.

En resumen, para proteger a las comunidades de bajos recursos durante la contingencia del SARS-CoV-2, se deben implementar medidas preventivas adecuadas, como la educación y la distribución de recursos para mejorar la higiene y la ventilación en las viviendas. Es importante que estas medidas se realicen de manera sensible a la cultura y accesible para todos los miembros de la comunidad.

## **Parte 2:**

### **1.-De las siguientes dos opciones, selecciona una opción para investigar:**

- ❖ **Trabajar con las secuencias de los coronavirus de otras especies que son similares a SARS-CoV-2, para tratar de explicar el fenómeno de zoonosis del virus. Incluye 9 especies reportadas más la variedad de SARS-CoV-2 original (Wuhan). Debes tratar de responder a las preguntas: ¿Son muy diferentes las variantes entre cada especie? ¿Es posible que alguna de las variedades que afecta a otras especies sea la misma que inició la pandemia en los seres humanos?**

- ❖ Estudia la cercanía de SARS-CoV-2 con otros coronavirus humanos que ocasionan enfermedades similares (como MERS). En tu investigación debes trabajar con 9 virus diferentes más la variedad de SARS-CoV-2 original (Wuhan). Debes tratar de responder a las preguntas: ¿Son muy diferentes entre sí los coronavirus que investigaste? ¿Es posible que las vacunas contra uno de estos coronavirus nos proteja de la misma manera contra los demás coronavirus que investigaste?

Opción 1 elegida: coronavirus de otras especies que son similares a SARS-CoV-2, para tratar de explicar el fenómeno de zoonosis del virus.

**2.-Crea un Script en R para: Calcular la longitud de las secuencias que incluyas.**

```
# Leer archivos y guardar en vectores separados
Bovino_V <- read_lines("Bovino.txt")
Felino_V <- read_lines("Felino.txt")
Ganso_V <- read_lines("ganso.txt")
Murcielago_H_V <- read_lines("Murcielago_Herradura.txt")
Murcielago_R_V <- read_lines("Murcielago_Rat.txt")
Pangolin_V <- read_lines("Pangolin.txt")
Murcielago_P_V <- read_lines("murcielago_p.txt")
Porcino_V <- read_lines("Porcino.txt")
Roedor_V <- read_lines("roedor.txt")
Wuhan_V <- read_lines("wuhan.txt")
```

Imagen 1: Lectura de los archivos de texto y conversión en vectores

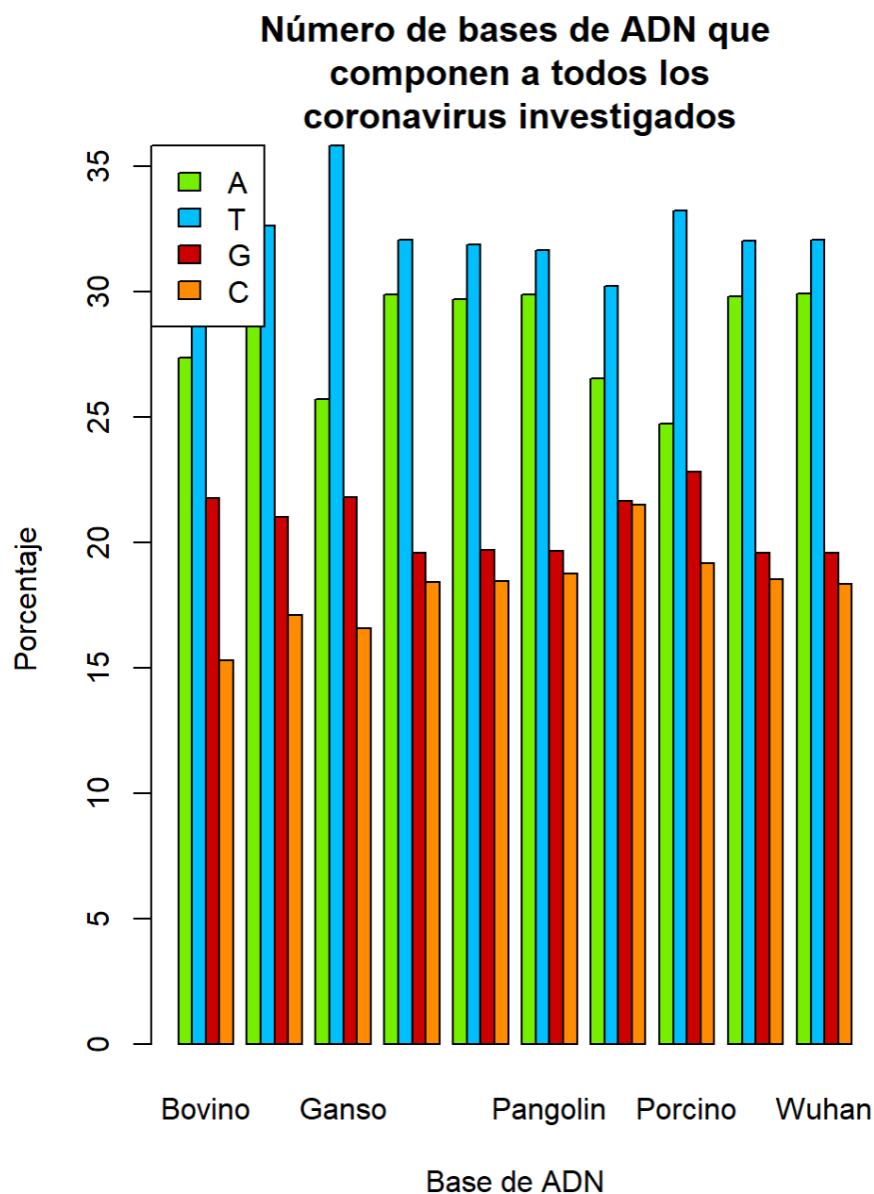
```
# convirtiendo vectores en secuencias
Bovino_seq <- paste(Bovino_V, collapse="")
Felino_seq <- paste(Felino_V, collapse="")
Ganso_seq <- paste(Ganso_V, collapse="")
Murcielago_H_seq <- paste(Murcielago_H_V, collapse="")
Murcielago_R_seq <- paste(Murcielago_R_V, collapse="")
Pangolin_seq <- paste(Pangolin_V, collapse="")
Murcielago_P_seq <- paste(Murcielago_P_V, collapse="")
Porcino_seq <- paste(Porcino_V, collapse="")
Roedor_seq <- paste(Roedor_V, collapse="")
Wuhan_seq <- paste(Wuhan_V, collapse="")
```

Imagen 2: Conversión de los vectores en secuencias

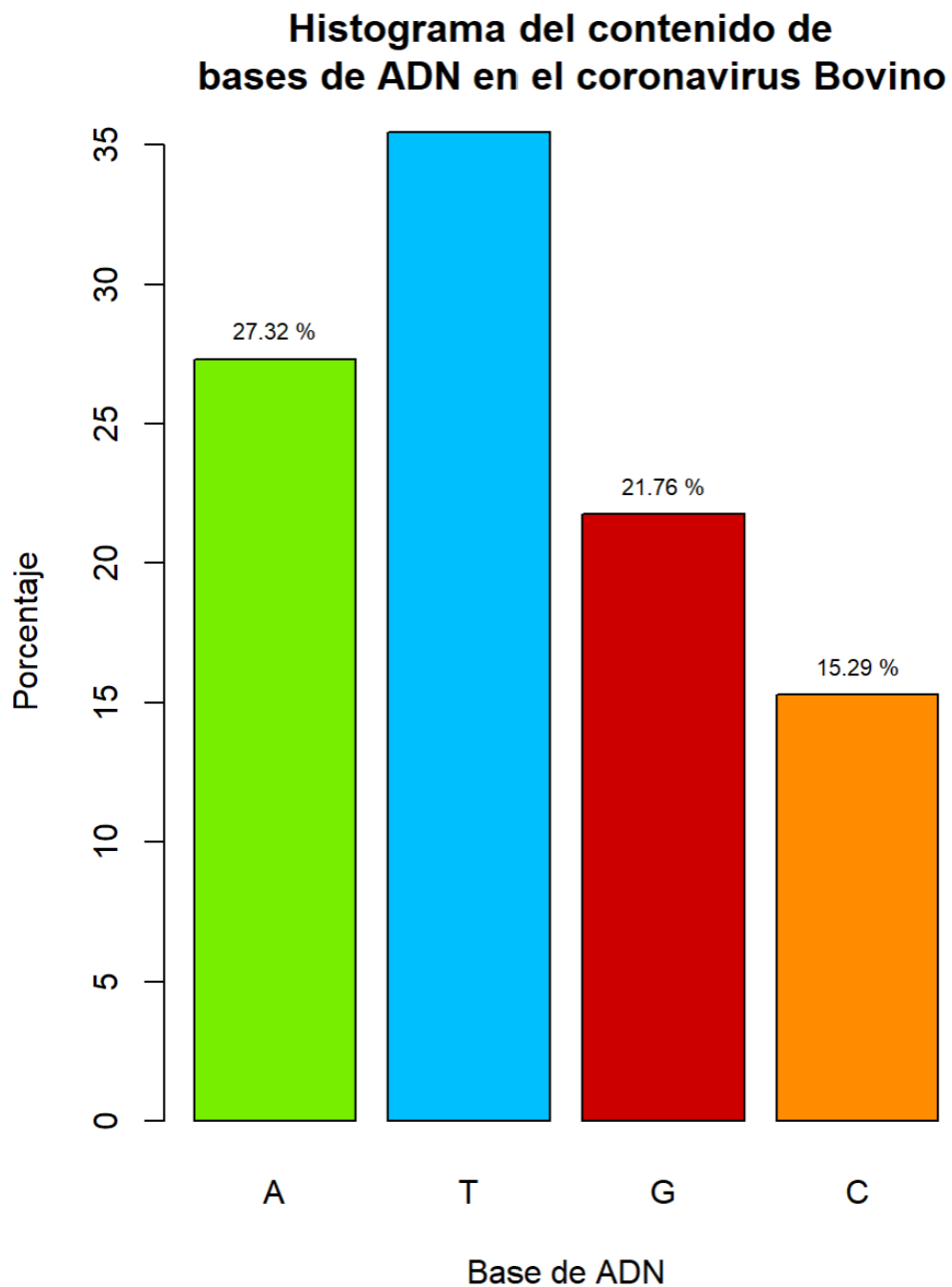
```
plot_ADN <- function(seq, filename) {
  total <- nchar(seq) #cálculo de la longitud de las secuencias
  Na <- nchar(gsub("[^A]", "", seq))
  Nt <- nchar(gsub("[^T]", "", seq))
  Ng <- nchar(gsub("[^G]", "", seq))
  Nc <- nchar(gsub("[^C]", "", seq))
  NgC <- Ng + Nc
  percentages <- c(Na, Nt, Ng, Nc) / total * 100 #porcentaje de las secuencias
}
```

Imagen 3: Obtención de la longitud de las secuencias

3.-Crear una sola gráfica donde se comparen el número de bases de ADN que componen todas las variantes que investigaste del virus.



Gráfica 1: Histograma del contenido de bases de ADN en todas las variantes de diferentes especies animales



Gráfica 2: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus bovino

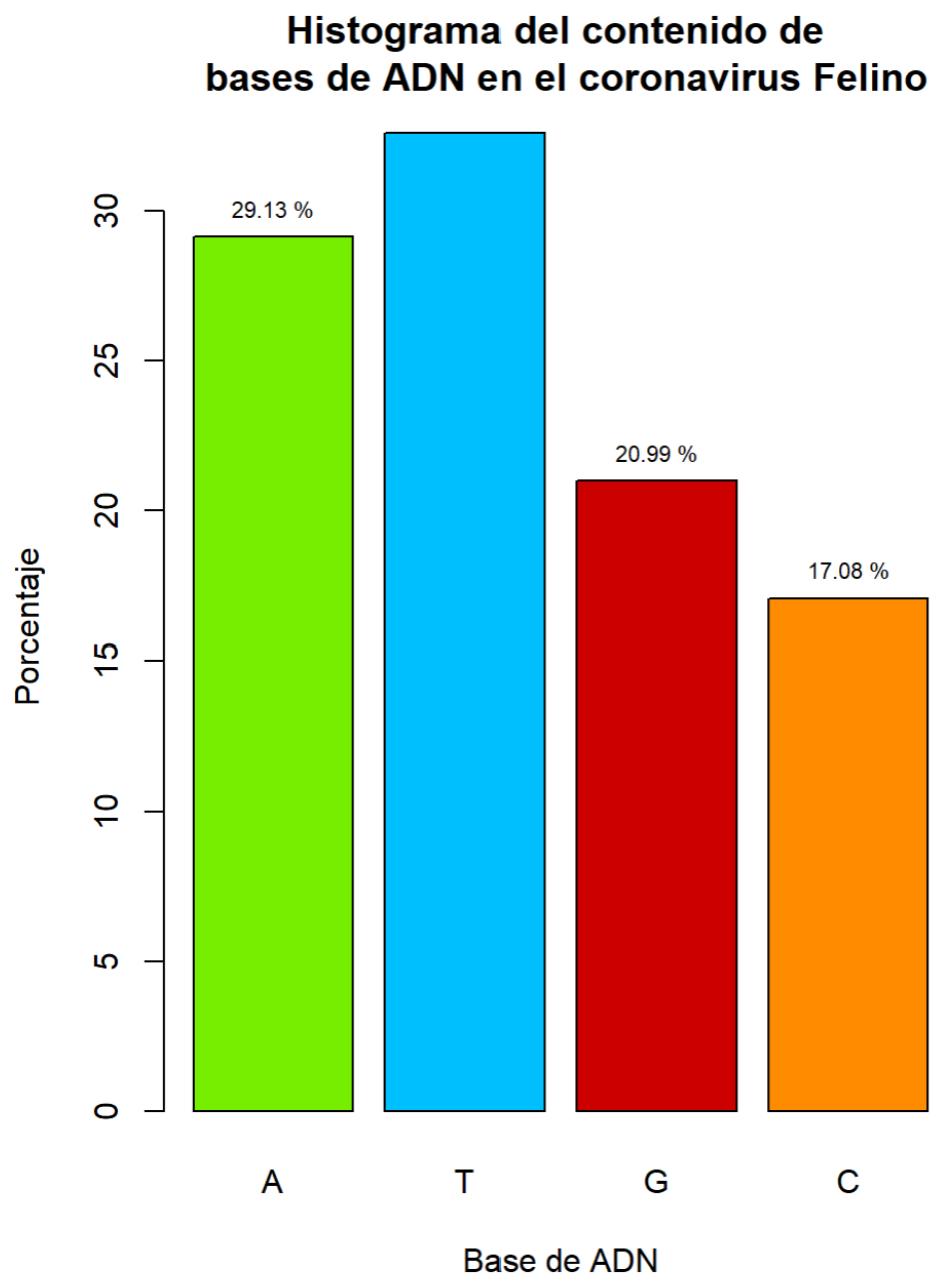
"A: 27.32 %"

"T: 35.46 %"

"G: 21.76 %"

"C: 15.29 %"

"G+C: 37.05 %"



Gráfica 3: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus felino

"A: 29.13 %"

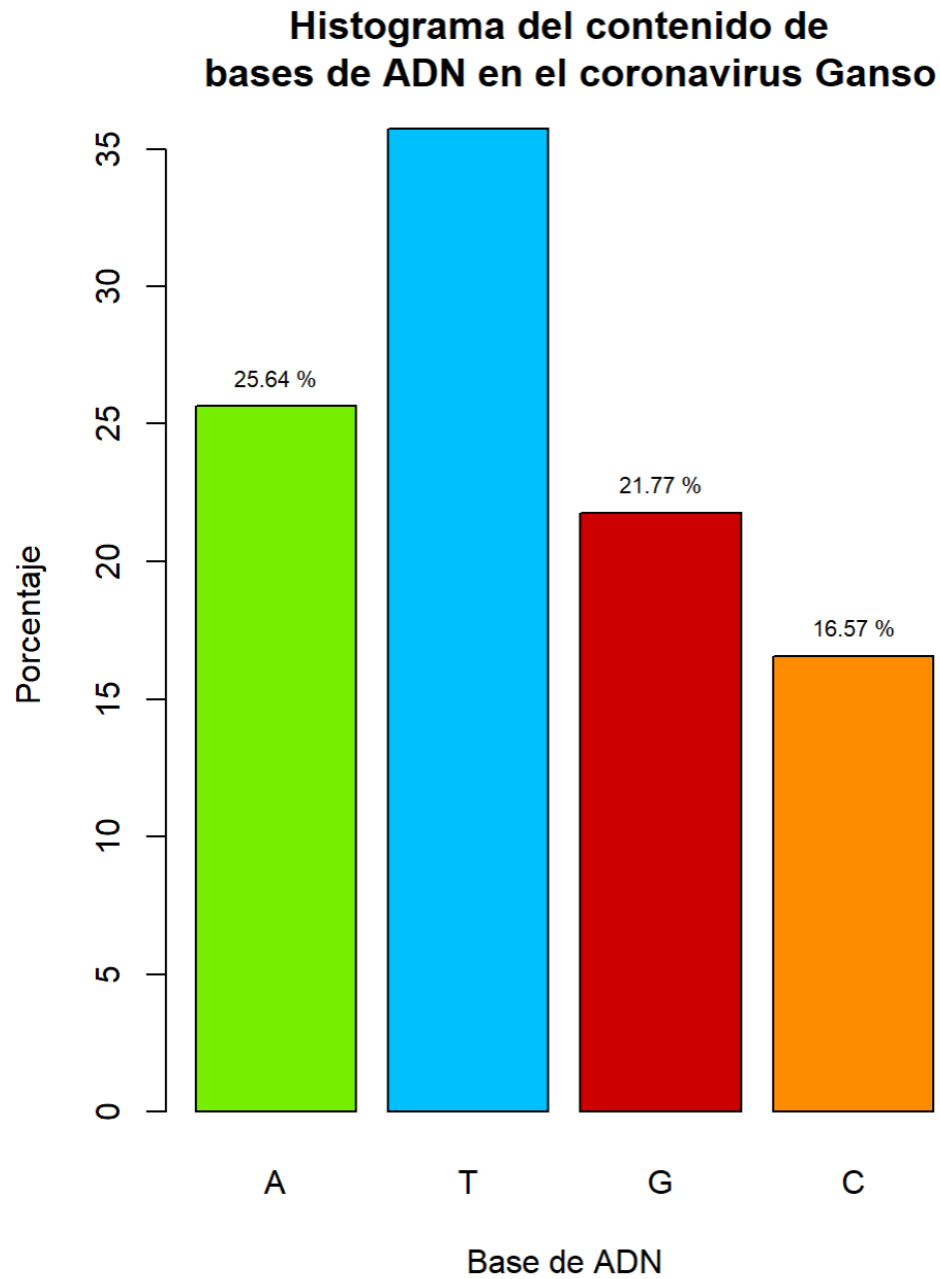
"T: 32.59 %"

"G: 20.99 %"

"C: 17.08 %"

"G+C: 38.07 %"





*Gráfica 4: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus ganso*

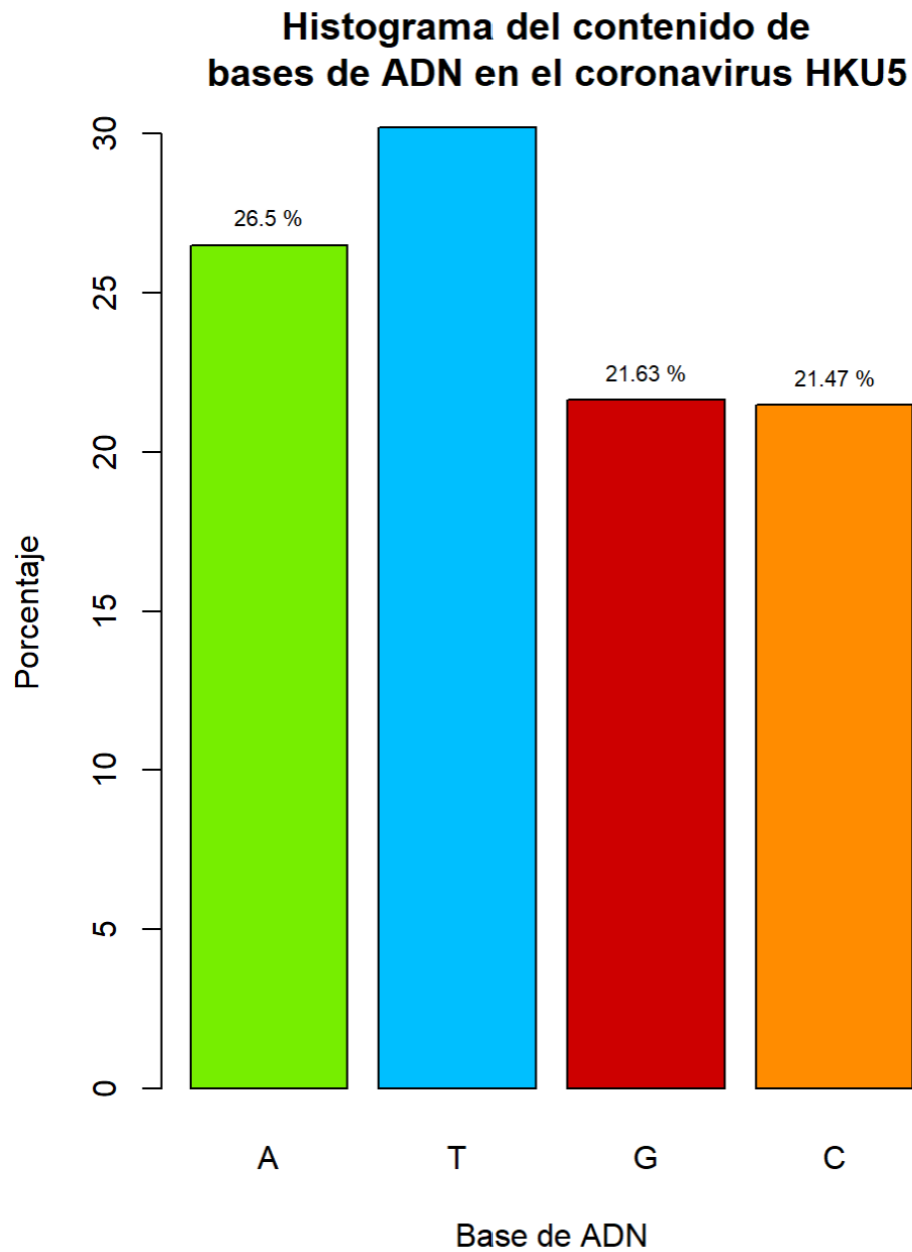
"A: 25.64 %"

"T: 35.75 %"

"G: 21.77 %"

"C: 16.57 %"

"G+C: 38.34 %"



Gráfica 5: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus: HKU5

"A: 26.5 %"

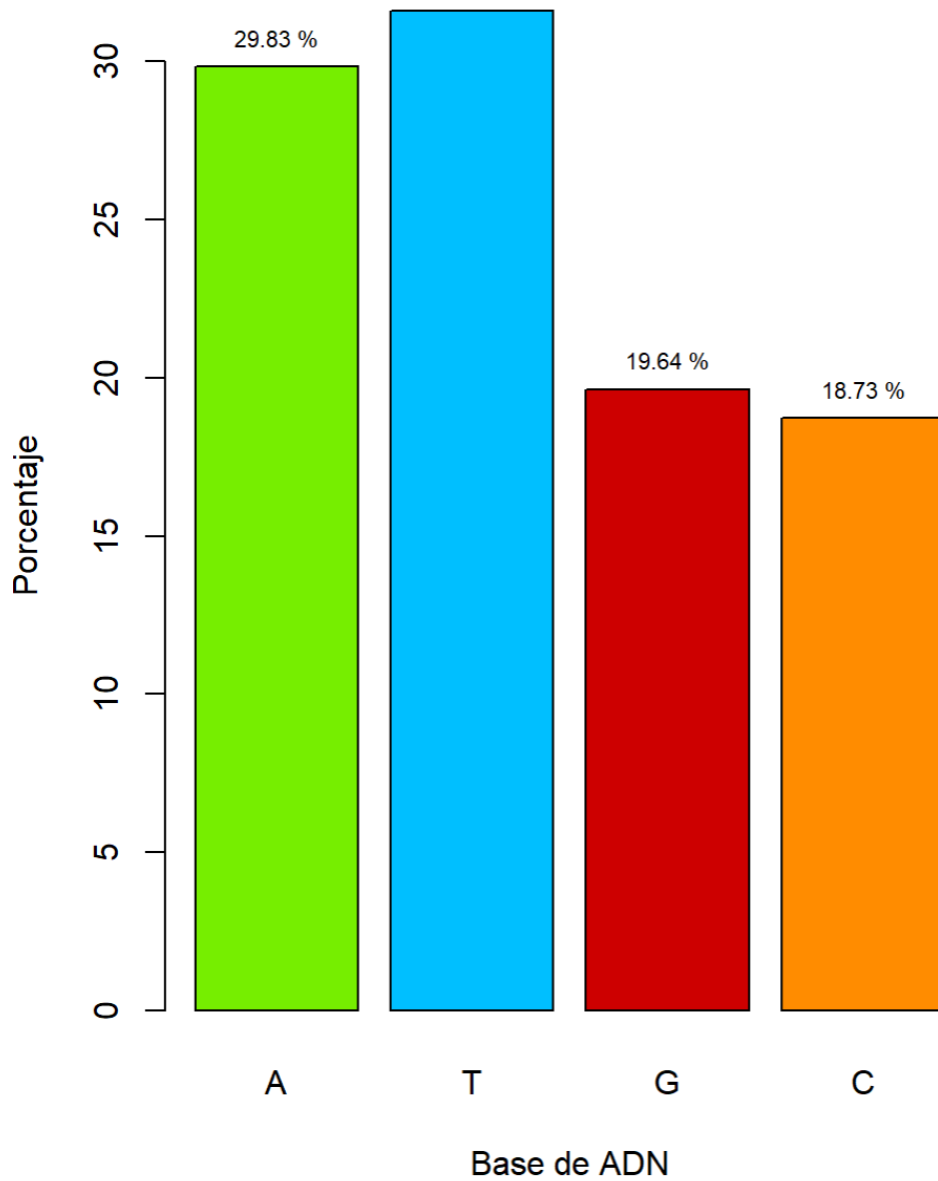
"T: 30.19 %"

"G: 21.63 %"

"C: 21.47 %"

"G+C: 43.1 %"

### Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus Pangolin



Gráfica 6: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus pangolin

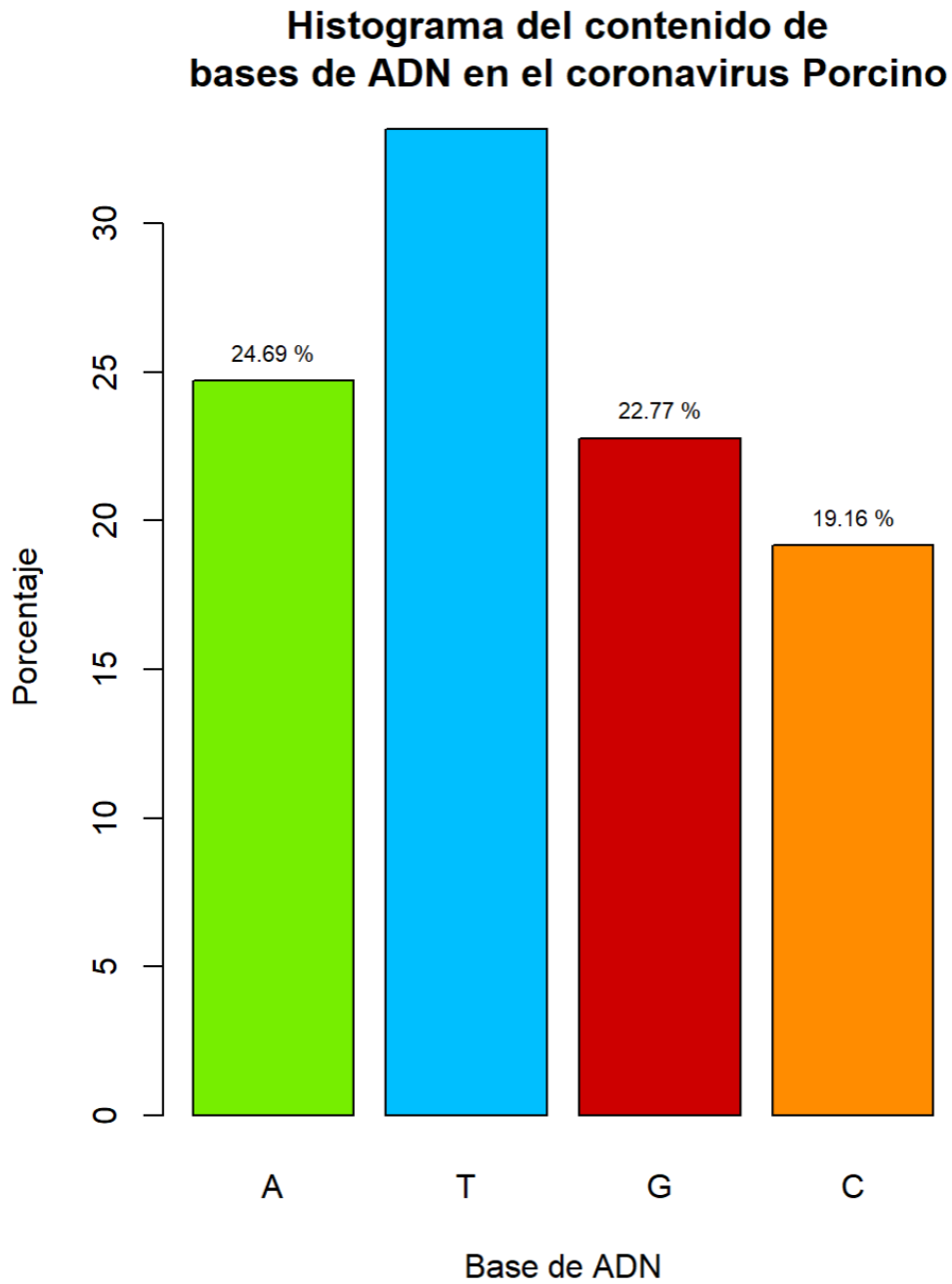
"A: 29.83 %"

"T: 31.59 %"

"G: 19.64 %"

"C: 18.73 %"

"G+C: 38.37 %"



Gráfica 7: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus porcino

"A: 24.69 %"

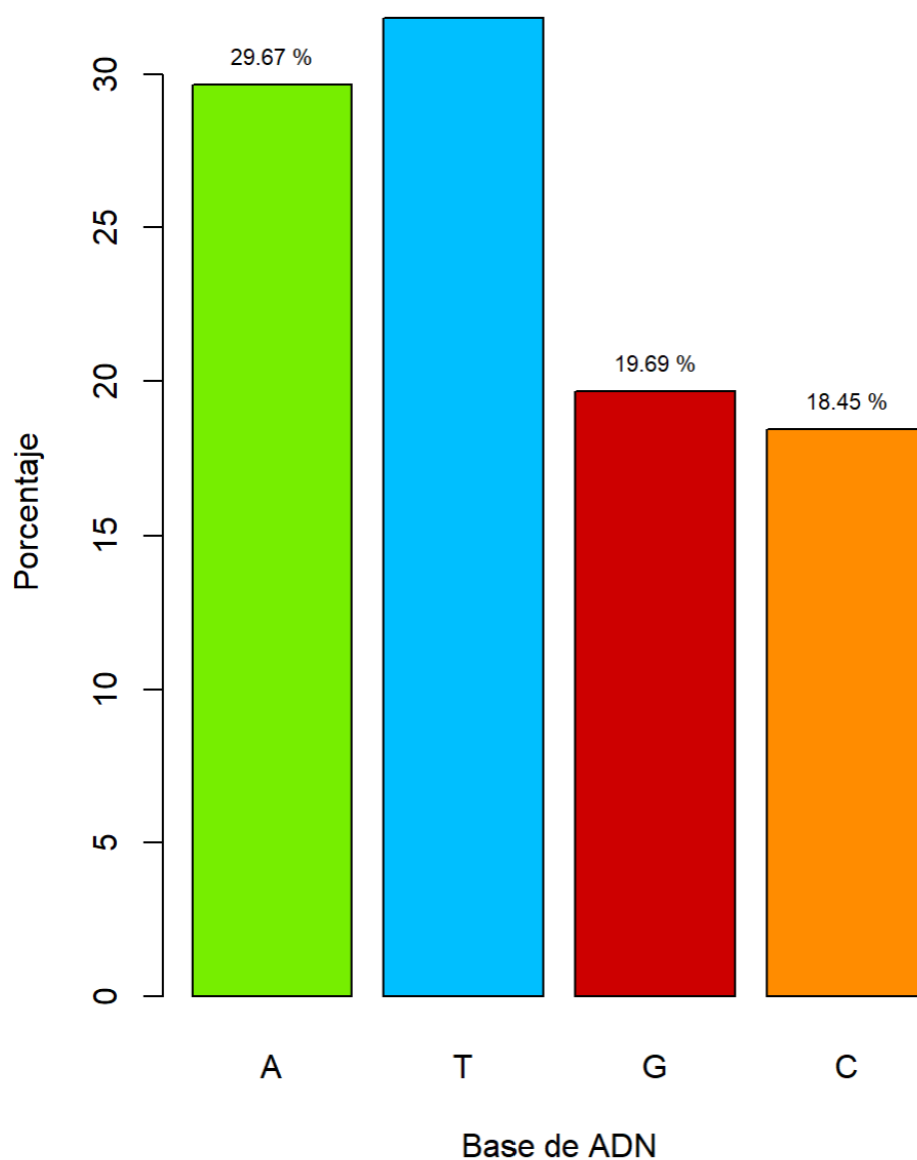
"T: 33.16 %"

"G: 22.77 %"

"C: 19.16 %"

"G+C: 41.93 %"

### Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus RacCS203



Gráfica 8: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus RacCS203

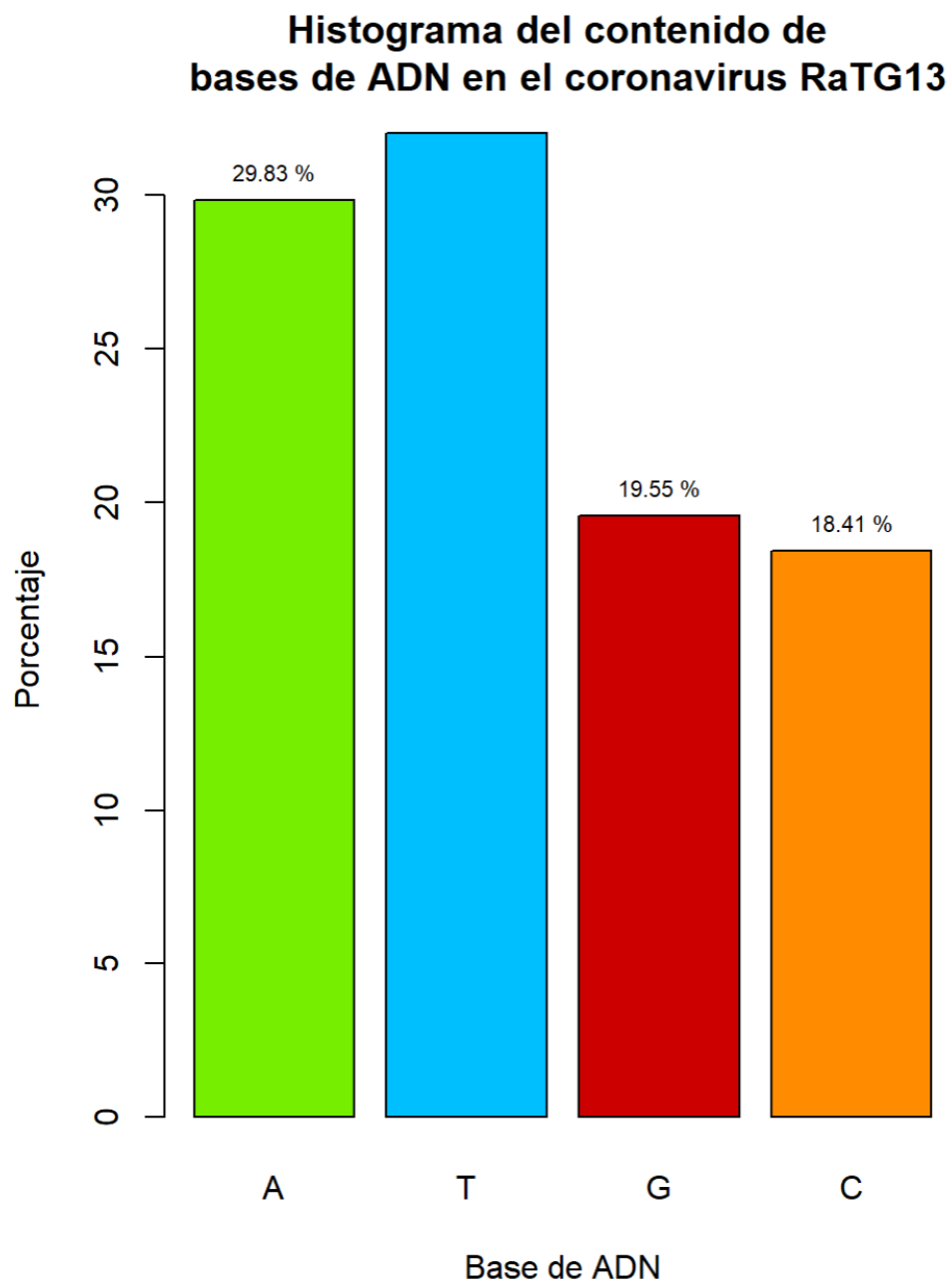
"A: 29.67 %"

"T: 31.83 %"

"G: 19.69 %"

"C: 18.45 %"

"G+C: 38.14 %"



Gráfica 9: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus RaTG13

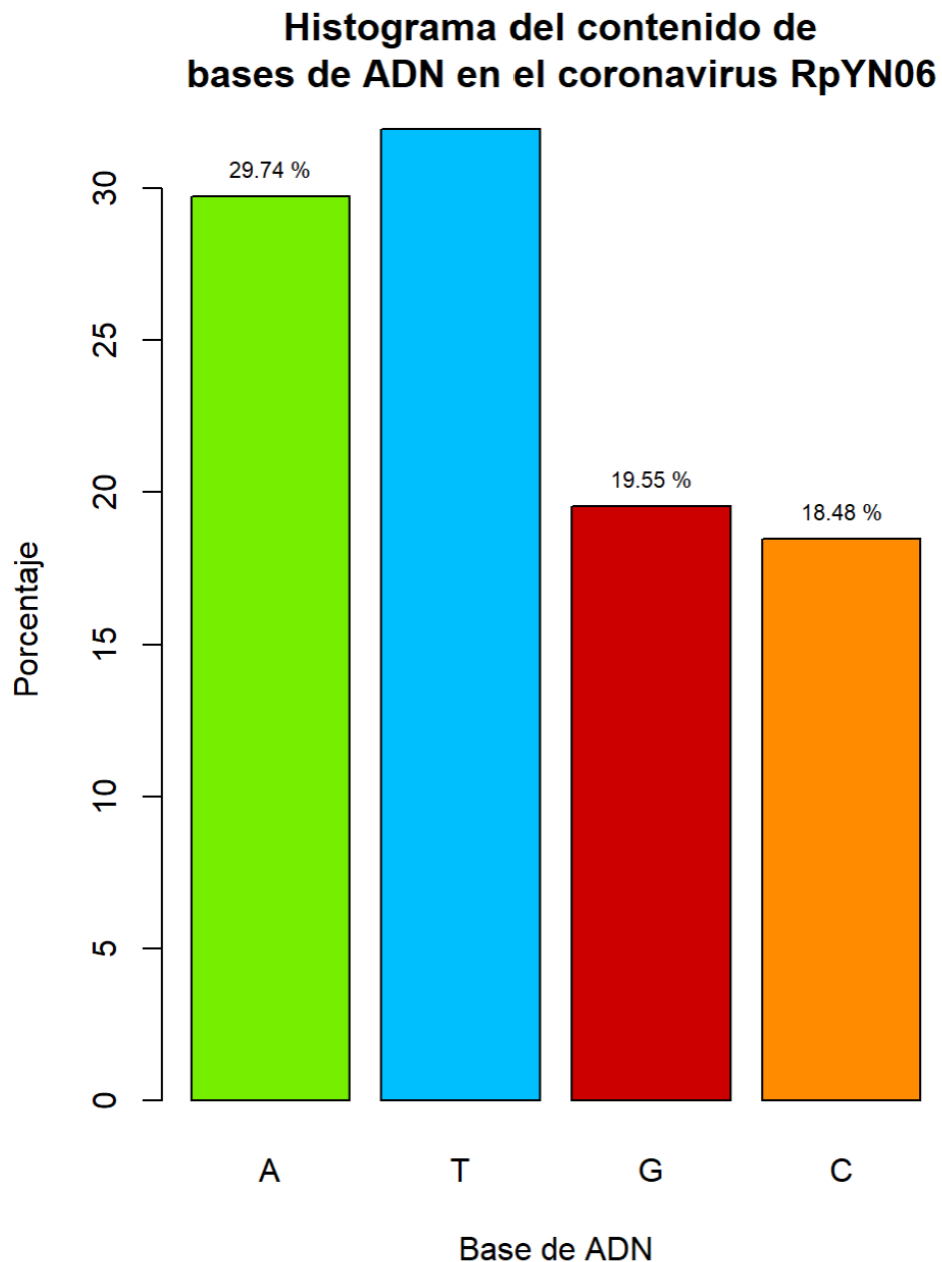
"A: 29.83 %"

"T: 32.03 %"

"G: 19.55 %"

"C: 18.41 %"

"G+C: 37.96 %"



*Gráfica 10: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus RpYN06*

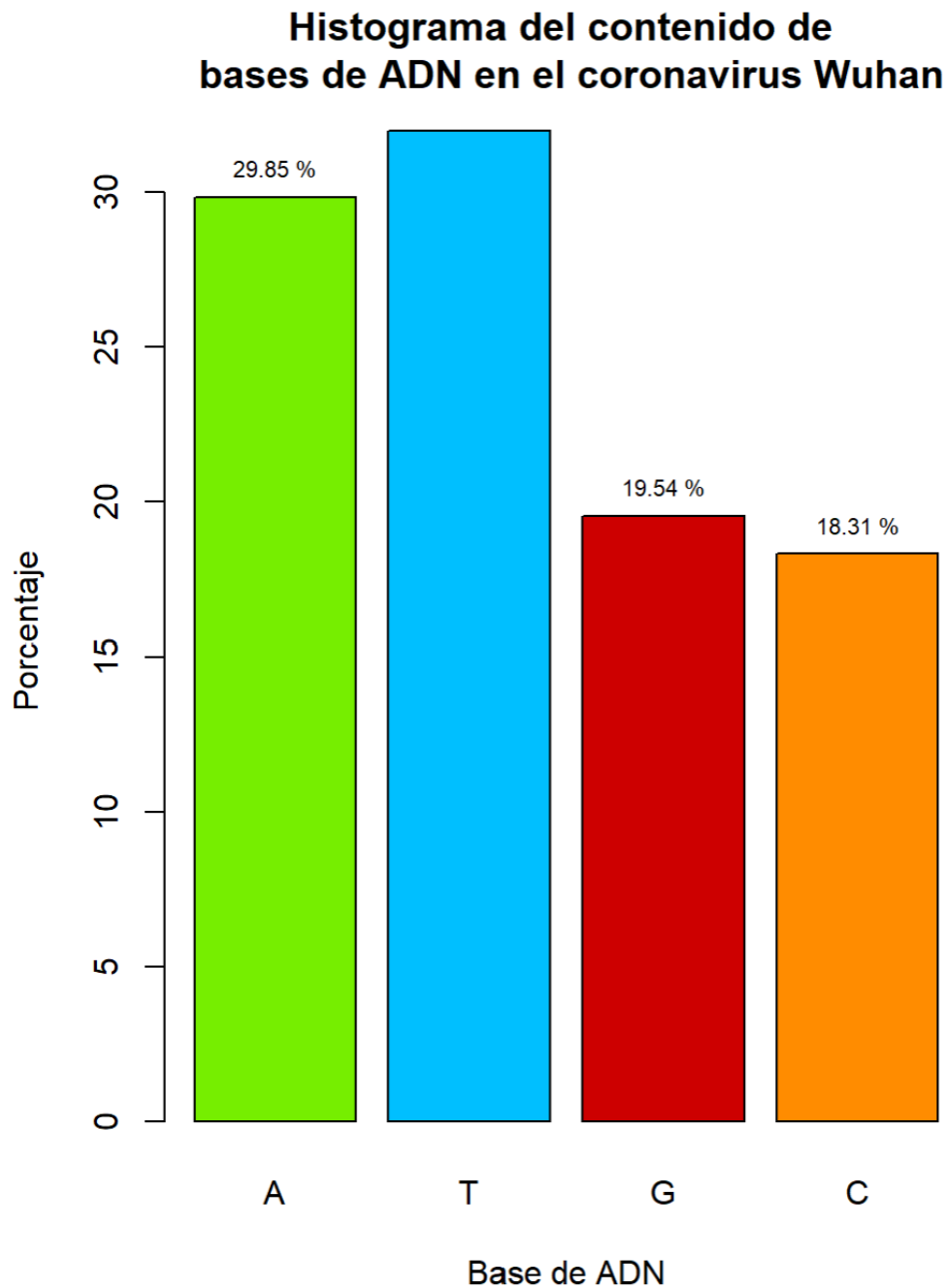
"A: 29.74 %"

"T: 31.95 %"

"G: 19.55 %"

"C: 18.48 %"

"G+C: 38.03 %"



*Gráfica 11: Histograma del contenido de bases de ADN en el coronavirus originado en Wuhan*

"A: 29.85 %"

"T: 31.98 %"

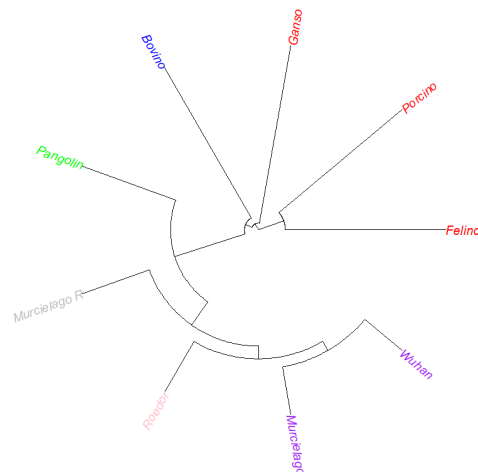
"G: 19.54 %"

"C: 18.31 %"

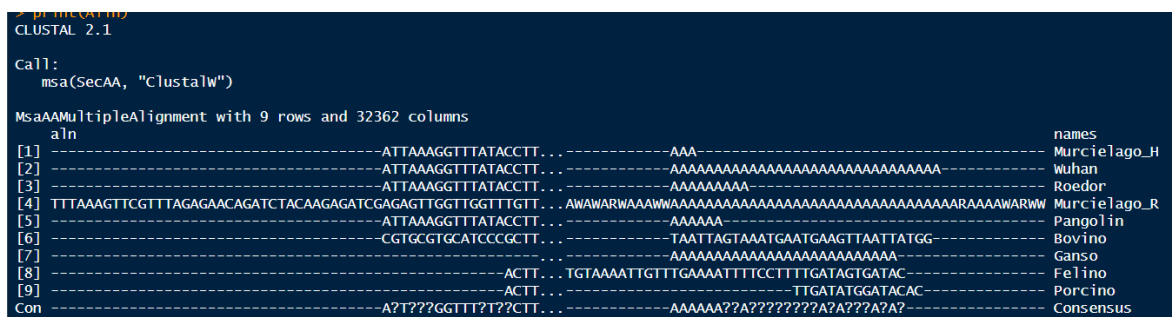
"G+C: 37.85 %"



4.-Realizar un análisis jerárquico global obtenido de las secuencias que se seleccionaron para estudiar, incluyendo alineamiento múltiple, árbol filogenético, y una interpretación escrita de estos dos últimos.



*Imagen 4: Árbol filogenético de todos los coronavirus de diferentes especies animales*



*Imagen 5: Alineamiento múltiple de todos los coronavirus de diferentes especies animales*

Las ramas del árbol representan la evolución de las especies. Las ramas más cercanas entre sí indican que dos especies están más estrechamente relacionadas entre sí. Y si observamos el árbol podemos darnos cuenta que la variante originada en Wuhan es más cercana con el virus del murciélago, esto quiere decir que son más similares entre sí. Y el coronavirus felino es el más alejado de la variante originada en Wuhan, por lo que son más distintos entre sí.

Los nodos del árbol representan los puntos en la evolución donde una especie se dividió en dos o más linajes diferentes. Estos nodos se conocen como puntos de

ramificación o bifurcación. Y a lo largo del árbol, se observa que hay varias ramificaciones, esto es una indicación de que hay varios linajes en los virus analizados.

Las especies que se agrupan juntas en el árbol filogenético comparten un ancestro común más reciente que con otras especies en el árbol. Por lo tanto, los grupos de especies cercanas al árbol se denominan clados. Y en el árbol generado se distingue claramente que todos los coronavirus tienen un ancestro en común. Esto también nos indica que se generó correctamente el árbol porque todos los coronavirus que se analizaron en esta situación problema pertenecen al mismo orden, familia y subfamilia, por lo que es muy probable que también tengan a un ancestro en común.

Mientras que en el alineamiento múltiple de todos los coronavirus de diferentes especies se puede interpretar que son muy similares. Esto significa que realmente no importa que especie sea, siempre va a ver un vínculo entre especies.

La interpretación de este alineamiento múltiple nos proporcionó una comprensión más profunda de la genética, evolución y diversidad de los coronavirus estudiados, lo que resulta útil para el diseño de estrategias de prevención, diagnóstico y tratamiento.

**5.-Agrega una interpretación escrita de tus gráficas y tus conclusiones según el caso de estudio que seleccionaste. No olvides sustentar tus argumentos con las lecturas que realizaste.**

En conclusión, existen varias variantes de coronavirus que afectan a diferentes especies de animales, y estas pueden ser distintas de las variantes que afectan a los seres humanos. Sin embargo, al realizar la investigación de este tema y al graficar las secuencias de ADN nos dimos cuenta que no son tan diferentes entre sí. Esto se debe principalmente a que pertenecen al orden *Nidovirales*, familia *Coronaviridae*, subfamilia *Orthocoronavirinae*, por lo que comparten características entre sí.

Además sí es posible que alguna de las variedades que afecta a otras especies sea la misma que inició la pandemia en los seres humanos porque se menciona en el artículo *“Animal Coronavirus Diseases: Parallels with COVID-19 in Humans”* que el SARS-CoV se originó en civetas, y el MERS-CoV se originó en camellos. Es decir, que existió una zoonosis.

Igualmente, en el artículo *“From SARS to SARS-CoV-2, insights on structure, pathogenicity and immunity aspects of pandemic human coronaviruses”* se menciona que en 2019, un mercado de alimentos que vendía animales vivos en Wuhan, China estuvo vinculado al brote de SARS-CoV-2. Por lo tanto, es muy probable que haya habido otra zoonosis en esta epidemia.

Por ello es importante conocer la clasificación de los coronavirus, los diferentes tipos de coronavirus, sus características, similitudes con otros virus de la misma familia y las medidas preventivas para evitar su propagación.

La clasificación de los coronavirus nos ayuda a entender mejor su estructura, comportamiento y cómo afectan a los humanos y animales. Los diferentes tipos de coronavirus pueden causar enfermedades desde leves hasta graves, como el síndrome respiratorio agudo grave (SARS), el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) y la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19).

Conocer las características de los coronavirus y su forma de propagación nos permite implementar medidas preventivas eficaces, como el lavado frecuente de manos, el uso de mascarillas y el distanciamiento físico.

Además, conocer las similitudes con otros virus de la misma familia nos permite utilizar tratamientos y estrategias de prevención similares para diferentes tipos de coronavirus. La investigación y el aprendizaje continuo sobre los coronavirus son necesarios para mejorar la prevención, el diagnóstico y el tratamiento de estas enfermedades virales altamente contagiosas.

**Códigos de acceso:**

FJ938064.1 (Coronavirus bovino)  
NC\_002306.3 (Coronavirus felino)  
MW532698.1 (Coronavirus pangolin GX\_P2V)  
MN996532.2 (Coronavirus RaTG13: murciélago)  
NC\_046965.1 (Coronavirus de ganso canadiense)  
MW251308.1 (Coronavirus RacCS203: murciélago)  
NC\_009020.1 (Coronavirus HKU5: murciélago)  
MZ081381.1 (Coronavirus RpYN06: murciélago)  
NC\_003436.1 (Coronavirus porcino PEDV)  
NC\_045512.2 (variedad de SARS-CoV-2 originada en Wuhan)

### Referencias:

- Malik Y. A. (2020). *Properties of Coronavirus and SARS-CoV-2*. The Malaysian journal of pathology, 42(1), 3–11. Recuperado de: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32342926/>
- Lin, C. N., Chan, K. R., Ooi, E. E., Chiou, M. T., Hoang, M., Hsueh, P. R., & Ooi, P. T. (2021). *Animal Coronavirus Diseases: Parallels with COVID-19 in Humans*. Viruses, 13(8), 1507. <https://doi.org/10.3390/v13081507>. Recuperado de: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34452372/>
- Brian, D. A., & Baric, R. S. (2005). *Coronavirus genome structure and replication*. Current topics in microbiology and immunology, 287, 1–30. [https://doi.org/10.1007/3-540-26765-4\\_1](https://doi.org/10.1007/3-540-26765-4_1). Recuperado de: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15609507/>
- Woo, P. C., Lau, S. K., Huang, Y., & Yuen, K. Y. (2009). *Coronavirus diversity, phylogeny and interspecies jumping*. Experimental biology and medicine (Maywood, N.J.), 234(10), 1117–1127. <https://doi.org/10.3181/0903-MR-94>. Recuperado de: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19546349/>
- Wu, A., Peng, Y., Huang, B., Ding, X., Wang, X., Niu, P., Meng, J., Zhu, Z., Zhang, Z., Wang, J., Sheng, J., Quan, L., Xia, Z., Tan, W., Cheng, G., & Jiang, T. (2020). *Genome Composition and Divergence of the Novel Coronavirus*

(2019-nCoV) *Originating in China*. Cell host & microbe, 27(3), 325–328.  
<https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.02.001>. Recuperado de:  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32035028/>

- Kirtipal, N., Bharadwaj, S., & Kang, S. G. (2020). *From SARS to SARS-CoV-2, insights on structure, pathogenicity and immunity aspects of pandemic human coronaviruses*. Infection, genetics and evolution : journal of molecular epidemiology and evolutionary genetics in infectious diseases, 85, 104502. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104502>. Recuperado de:  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32798769/>
- Cui, J., Li, F., & Shi, Z. L. (2019). *Origin and evolution of pathogenic coronaviruses*. Nature reviews. Microbiology, 17(3), 181–192.  
<https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>. Recuperado de:  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30531947/>
- Van der Hoek, L., Pyrc, K., Jebbink, M. F., Vermeulen-Oost, W., Berkhout, R. J., Wolthers, K. C., Wertheim-van Dillen, P. M., Kaandorp, J., Spaargaren, J., & Berkhout, B. (2004). Identification of a new human coronavirus. Nature medicine, 10(4), 368–373. <https://doi.org/10.1038/nm1024>. Recuperado de:  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15034574/>

Imagen de la portada obtenida de:

[https://www.who.int/images/default-source/wpro/thumbs-novelcoronavirus.tmb-1200v.jpg?Culture=es&sfvrsn=450026c2\\_6](https://www.who.int/images/default-source/wpro/thumbs-novelcoronavirus.tmb-1200v.jpg?Culture=es&sfvrsn=450026c2_6)

#### **Variante original (Wuhan):**

- *Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome* - NCBI. Recuperado de:  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_045512](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_045512)

### **Variantes animales:**

- *Bat coronavirus RaTG13, complete genome* - NCBI. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN996532>
- *Canada goose coronavirus strain Cambridge\_Bay\_2017, complete genome* - NCBI. Recuperado de: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_046965](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_046965)
- *Bat coronavirus RacCS203, complete genome* - NCBI. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MW251308>
- *Pipistrellus bat coronavirus HKU5, complete genome* - NCBI. Recuperado de: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_009020](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_009020)
- *Betacoronavirus sp. RpYN06 strain bat/Yunnan/RpYN06/2020, complete genome* - NCBI. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MZ081381>
- *Bovine coronavirus E-AH187-TC, complete genome* - NCBI. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/FJ938064>
- *Feline infectious peritonitis virus, complete genome* - NCBI. Recuperado de: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_002306](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_002306)
- *Pangolin coronavirus isolate GX\_P2V, complete genome* - NCBI. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MW532698>
- *Porcine epidemic diarrhea virus, complete genome* - NCBI. Recuperado de: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_003436](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_003436)