Ejercicio: Base de datos de virus

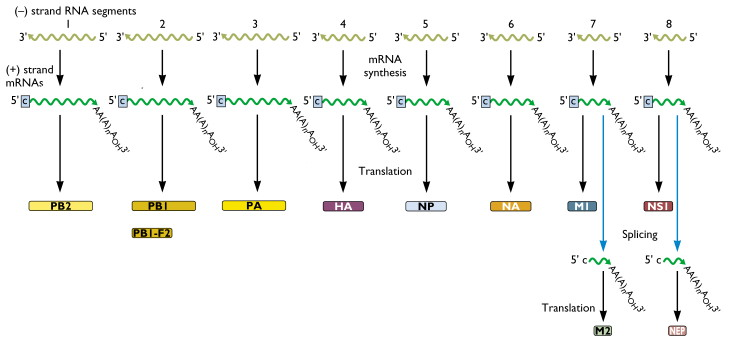
**Instrucciones:** Realiza los siguientes ejercicios en R Studio y comparte tu script con la solución de todos:

Dentro de NCBI busca las secuencias de las siguientes entidades:

* Zika virus, complete genome
* SARS coronavirus, complete genome
* Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome
* Middle East respiratory syndrome coronavirus, complete genome
* Dengue virus 1, complete genome

Para estos virus puedes utilizar: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/>

Además, busca las secuencias de H1N1 que apareció en México en 2009 y obtén todos los segmentos del virus:



Para influenza utiliza el buscador:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database/nph-select.cgi?go=database>

De cada uno debes obtener sus secuencias y responder las siguientes preguntas:

1. ¿Cuál es el tamaño de cada secuencia?

2. ¿Cúal es la composición de nucleótidos de cada secuencia?

3. ¿Cuál es el contenido de GC de cada virus?

4. Crear una función para obtener la secuencia en complementaria e imprimirla por cada secuencia, ejemplo:

Virus original: agttgttagt ctacgtggac cgacaagaac

Complementaria: tcaacaatca gatgcacctg gctgttcttg

5. Crear una gráfica de resumen para comparar la composición de nucleótidos de las 5 secuencias.