

## Evidencia 2 Final

**Alumno:** Javier Yahir Juárez Arroyo

**Matricula:** A00838452

### Parte 1:

**Link al video:** <https://www.youtube.com/watch?v=eujLCFA5bfs>

### Parte 2

- 1. Analizar las secuencias de SARS-CoV-2 reportadas en los 20 países con más casos reportados. Y puedes tratar de responder a la pregunta: ¿Son muy diferentes las variantes entre cada país? ¿Es diferente el SARS-CoV-2 entre las diferentes poblaciones: asiática, Hispana, europea o africana?**

Durante el análisis llevado a cabo en esta actividad, pudimos identificar que ciertas características, como el porcentaje de ADN, son comunes a la gran mayoría de variantes, independientemente de su origen geográfico o continental. Sin embargo, al examinar cada secuencia individualmente, observamos diferencias en el orden en que aparecen las bases de ADN. Estas disparidades pueden atribuirse a varios factores, tales como la capacidad del virus para mutar, las medidas sanitarias implementadas en cada región, la movilidad de la población e incluso la densidad poblacional.

**Estados Unidos de América: 107,566,782**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP747613>

**India: 44,996,034**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP434597>

**Francia: 40,138,560**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/2688674532>

**Alemania: 38,428,685**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP747674>

**Brasil: 37,728,415**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP693357>

**Japón: 33,803,572**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/BS010617>

Corea del Sur: 33,554,474

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP584656>

Italia: 25,918,253

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OR841414>

Reino Unido: 24,651,375

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OZ029930>

Rusia: 22,977,274

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP754055>

Turquía: 17,232,066

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP126626>

España: 13,914,811

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OY723591>

Australia: 11,736,523

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OY290355>

Vietnam: 11,622,021

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP425353>

Taiwán: 10,241,506

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP565348>

Argentina: 10,057,945

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP302810>

Países Bajos: 8,610,372

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OR427989>

México: 7,633,355

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP294547>

Irán: 7,613,120

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OR726214>

**Indonesia: 6,812,956**

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ON564872>

## **2. Calcula la longitud de las secuencias que incluyas.**

USA: 29649

India: 29903

Francia: 29828

Alemania: 29742

Brasil: 29409

Japón: 29783

Corea del Sur: 29744

Italia: 29803

Reino Unido: 29890

Rusia: 29702

Turquía: 29814

España: 29777

Australia: 29848

Vietnam: 29748

Taiwán: 3810

Argentina: 29701

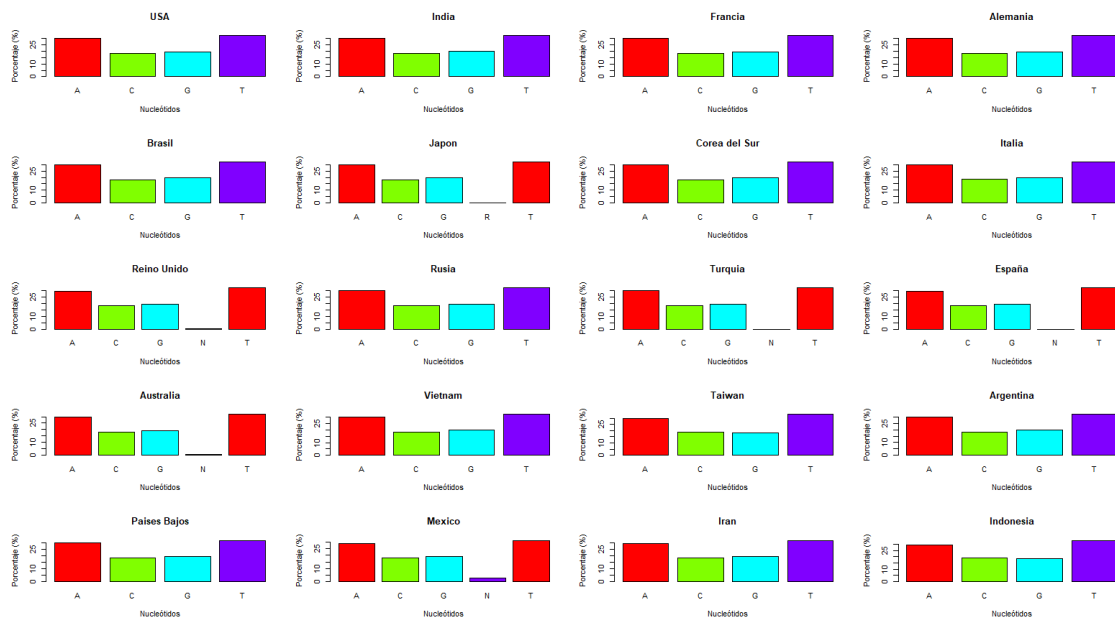
Países Bajos: 29871

México :29582

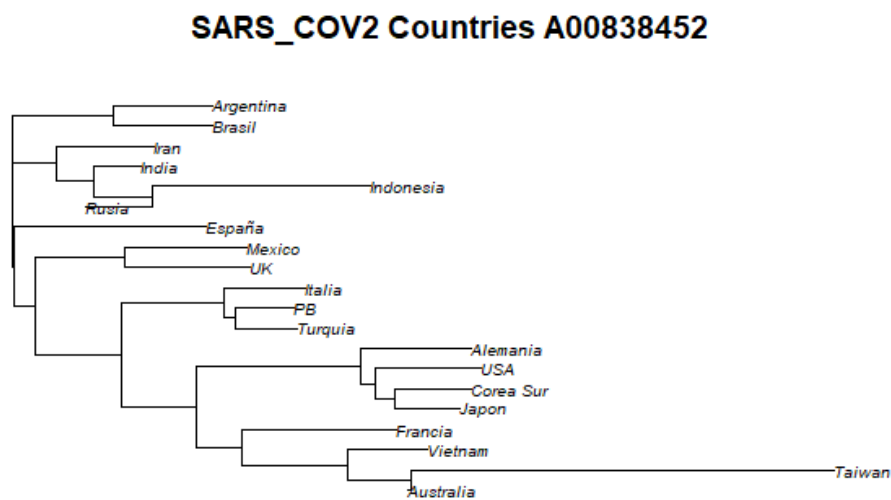
Irán: 29792

Indonesia: 3728

### 3. Crea una primera gráfica donde se comparen el número de bases de ADN que componen todas las variantes del virus.



### 4. Crea una segunda gráfica donde se muestre el árbol filogenético obtenido de las secuencias que se seleccionaron para estudiar.



**5. Agrega una interpretación escrita de tus gráficas (¿qué es lo que observas?) y tus conclusiones (¿qué implicaciones tienen tus observaciones?) según el caso de estudio que seleccionaste. No olvides sustentar tus argumentos con las lecturas que realizaste.**

Al analizar las secuencias observadas en el gráfico del porcentaje de bases de ADN y en el árbol filogenético, podemos identificar que, en la gran mayoría de las variantes, la timina es la base más común. Esto ocurre en la mayoría de los casos, pero en países como el Reino Unido, observamos que la timina y la adenina tienen porcentajes similares. La segunda base de ADN más abundante en estas variantes es la adenina, seguida de la guanina y, finalmente, la citosina. El orden de aparición es una característica que identifica a los coronavirus. Además, al analizar las secuencias, cada una de ellas tenía una longitud similar de alrededor de 29,000 a 30,000 pares de bases, aunque hubo excepciones como Taiwán e Indonesia, donde la longitud era mucho más corta.

Al analizar el árbol filogenético, podemos identificar similitudes y ancestros comunes entre diferentes secuencias. Por ejemplo, hay similitudes entre los Países Bajos y Taiwán, Corea del Sur y Japón, y Argentina y Brasil. En casos como Taiwán o Turquía, donde no se observa una similitud significativa, esto puede atribuirse a la longitud de sus secuencias.

## Referencias

*Coronavirus: número de casos confirmados por país en 2023* / Statista. (2024, 16 febrero).

Statista. <https://es.statista.com/estadisticas/1091192/paises-afectados-por-el-coronavirus-de-wuhan-segun-los-casos-confirmados/>

Li, H., Hong, X., Ding, L., Meng, S., Li, R., Jiang, Z., & Liu, D. (2022). Sequence similarity of SARS-CoV-2 and humans: Implications for SARS-CoV-2 detection. *Frontiers In Genetics*, 13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.946359>

Li, H., Hong, X., Ding, L., Meng, S., Li, R., Jiang, Z., & Liu, D. (2022). Sequence similarity of SARS-CoV-2 and humans: Implications for SARS-CoV-2 detection. *Frontiers In Genetics*, 13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.946359>

Conversation, I. M. /. \*. (2022, 15 diciembre). Los 7 tipos de coronavirus que infectan humanos. [www.nationalgeographic.com.es](http://www.nationalgeographic.com.es).  
[https://www.nationalgeographic.com.es/ciencia/siete-tipos-coronavirus-que-infectan-humanos\\_15353](https://www.nationalgeographic.com.es/ciencia/siete-tipos-coronavirus-que-infectan-humanos_15353)

NCBI virus. (s. f.). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/>

Andre, M., Lau, L., Pokharel, M. D., Ramelow, J., Owens, F., Souchak, J., Akkaoui, J., Ales, E., Brown, H., Shil, R. K., Nazaire, V., Manevski, M., Paul, N. P., Esteban-Lopez, M., Ceyhan, Y., & El-Hage, N. (2023). From Alpha to Omicron: How different variants of concern of the SARS-Coronavirus-2 impacted the world. *Biology*, 12(9), 1267. <https://doi.org/10.3390/biology12091267>

