

Evidencia2

José Ramírez

2022-05-06

####Secuencias GenBank:

```
library(seqinr)
#SA, UK, MX, Wuhan, Australia

#virus <- c("ON322580", "OW518846", "ON148330", "NC_045512", "OL869974")

#virus_seq <- read.GenBank(virus)
#str(virus_seq)
#attributes(virus_seq)
#names(virus_seq)
#attr(virus_seq, "species")
#write.dna(virus_seq, file="virus_seq.fasta", format = "fasta")
```

Longitud y Composición de Secuencias:

```
file = "virus_seq.fasta"
secuencia <- read.fasta(file)
SA <- secuencia[[1]]
UK <- secuencia[[2]]
MX <- secuencia[[3]]
Wuh <- secuencia[[4]]
Aus <- secuencia[[5]]

cSA<-table(SA)
cUK<-table(UK)
cMX<-table(MX)
cWuh<-table(Wuh)
cAus<-table(Aus)

lSA<-length(SA)
lUK<-length(UK)
lMX<-length(MX)
lWuh<-length(Wuh)
lAus<-length(Aus)

lSA
## [1] 32629

lUK
## [1] 32210
```

```

lMX
## [1] 32395

lWuh
## [1] 32240

lAus
## [1] 32237

cSA
## SA
##      a      c      g      t
## 2510 7900 6116 6304 9799

cUK
## UK
##      a      c      g      t
## 2478 8469 5942 6185 9136

cMX
## MX
##      a      c      g      t
## 2492 8954 5492 5863 9594

cWuh
## Wuh
##      a      c      g      t
## 2480 8473 5955 6190 9142

cAus
## Aus
##      a      c      g      t
## 2480 8481 5953 6189 9134

```

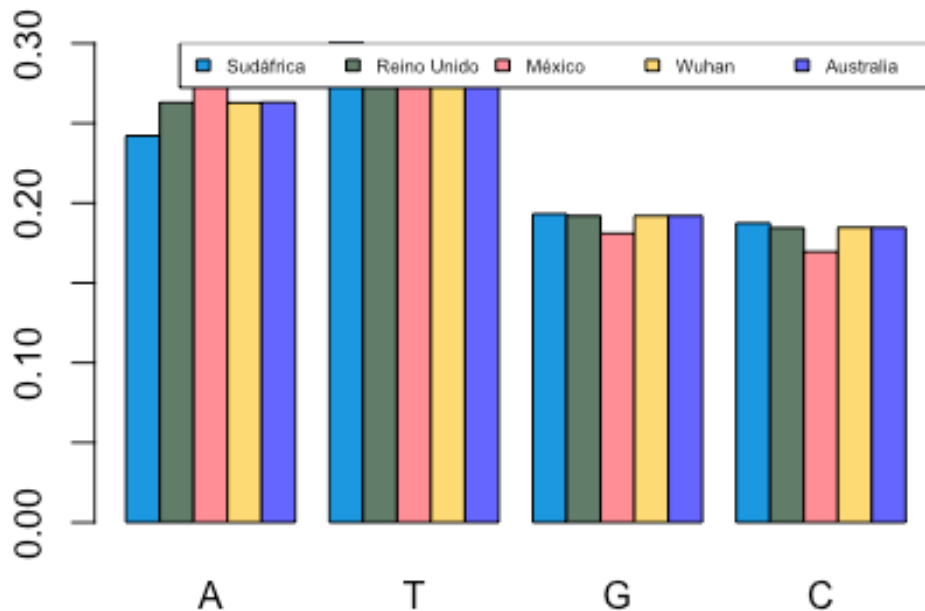
Gráfica comparativa:

```

data <- as.matrix(data.frame(A = c(cSA["a"]/lSA, cUK["a"]/lUK, cMX["a"]/lMX,
                                cWuh["a"]/lWuh, cAus["a"]/lAus),
                              T = c(cSA["t"]/lSA, cUK["t"]/lUK,
                                cMX["t"]/lMX, cWuh["t"]/lWuh, cAus["t"]/lAus),
                              G = c(cSA["g"]/lSA, cUK["g"]/lUK,
                                cMX["g"]/lMX, cWuh["g"]/lWuh, cAus["g"]/lAus),
                              C = c(cSA["c"]/lSA, cUK["c"]/lUK,
                                cMX["c"]/lMX, cWuh["c"]/lWuh, cAus["c"]/lAus)))
rownames(data) <- c("Sudáfrica", "Reino Unido", "México", "Wuhan",
"Australia")

```

```
barplot(data,col=c("#1b98e0", "#627c6a", "#ff8e97", "#feda75", "#6666ff"),beside
= TRUE)
  legend("topright", horiz = TRUE, cex = 0.5, legend = c("Sudáfrica",
"Reino Unido", "México", "Wuhan", "Australia"),
      fill = c("#1b98e0", "#627c6a", "#ff8e97", "#feda75", "#6666ff"))
```



Como ya se sabe, estos últimos años hemos sido golpeados por una situación muy difícil en la que un virus, por medio de zoonosis, infectó a un ser humano en Wuhan, China. A partir de ahí este virus ha ido propagándose, y con esto, aprendiendo y adaptándose para que cada vez le sea posible reproducirse más y sobrevivir. Para llevar a cabo estas adaptaciones, es importante que el virus sufra cambios en su genoma que codifican en las estructura y funciones necesarias para el acoplamiento e infección de una persona. Gracias a estos cambios es que tenemos lo que conocemos como variantes de un virus, en este caso: SARS-Cov2. Es posible ver las diferencias entre variantes haciendo un estudio sobre el genoma de este virus y sus variantes y analizar los cambios sufridos en la secuencia, para posteriormente definir si estos cambios están directamente ligados a una función o una estructura. En este caso, podemos observar 5 variantes diferentes sacadas de 5 países diferentes donde la pandemia pegó fuerte. Como podemos en la gráfica que muestra la composición de las variantes, podemos un ligero cambio en la cantidad de cada nucleótido, pero al final es un cambio, lo que puede llevar a que el virus actúe de una forma completamente al virus anterior. Por ejemplo, la principal mutación sufrida por el SARS-

Cov2 es sobre la zona que codifica para la proteína Spike, que es la que se ancla a la célula para poder invadir al huésped. Con estas mutaciones podemos observar que cada vez le es más fácil unirse, pues cada vez el virus es más contagioso. Con esta gráfica podemos observar que conforme el virus fue propagándose y rebasando fronteras, tuvo mucha oportunidad de adaptación y pudo generar variantes suficientes como para que cada país tenga la suya propia.