



Tecnológico de Monterrey

Tecnológico de Monterrey - Análisis biológico
computacional

Profesor: César Pérez Almazán

Por:

Daniel Emilio Fuentes Portaluppi
Daniel Munoz Lozano
Liliana Solarzano Perez

| A01708302
| A01721797
| A01641392

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

1. ¿Cuál es el tamaño de cada secuencia?

Virus	Tamaño de la secuencia
Zika	4081
Dengue	4079
Mers-Cov	4077
SarsCovid	4076
Influenza H1N1	566
Wu-Han-1	4079

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

Zika	nucleótidos
A	0.2737074
C	0.2124479
G	0.2871845
T	0.2266601

Dengue	nucleótidos
A	0.3133120863
C	0.2022554548
G	0.2510419220
T	0.2287325325
R	0.0009806325
Y	0.0007354744
N	0.0029418975

Mers-Cov	nucleótidos
A	0.2560706
C	0.2072602
G	0.2268825
T	0.3097866

SarsCovid	nucleótidos
A	0.2814033
C	0.2036310
G	0.2362610
T	0.2787046

Influenza H1N1	nucleótidos
A	0.06007067
C	0.02650177
G	0.06890459
T	0.06360424
W	0.01766784
S	0.08480565
M	0.01236749
K	0.07420495
R	0.03180212
Y	0.04770318
D	0.04593640
H	0.02650177
V	0.06537102
N	0.37455830

Wu-Han-1	nucleótidos
A	0.3008090
C	0.1836234
G	0.2199068
T	0.2956607

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

Virus	Contenido GC
Zika	0.4996324
Dengue	0.4554187
Mers-Cov	0.4341428
SarsCovid	0.4398921
Influenza H1N1	0.5604396
Wu-Han-1	0.4035303

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

complement(zika)

DNA vector of 1 sequences

> TCAACAAC TAGACACTTAGTCTGACGCTGTCAAGCTCAAAC TTCGCTT... + 4021 bases

Virus original: AGTTGTTGATCTGTGTGAATCAGACTGCGACAGTTCGAGTTTGAAGCGAAA...

> **complement(dengue)**

DNA vector of 1 sequences

> TACTTGTTGGTTGCTTTTTTCTGCCGAGCTGGCAGAAAGTTATACGACTT... + 4019 bases

Virus original: ATGAACAACCAACGAAAAAAGACGGCTCGACCGTCTTTCAATATGCTGAAA...

complement(Mers_Cov)

DNA vector of 1 sequences

> TAAATTCAC TTATCGAACCGATAGAGTGAAGGGGAGCAAGAGAACGTCTT... + 4017 bases

Virus original: ATTTAAGTGAATAGCTTGGCTATCTCACTTCCCCTCGTTCTCTTGCAGA...

complement(SarsCovid)

DNA vector of 1 sequences

> GTCCTTTTCGGTTGGTTGGAGCTAGAGAACATCTAGACAAGAGATTGCT... + 4016 bases

Virus original: CAGGAAAAGCCAACCAACCTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAAC...

complement(influenza_h1n1)

DNA vector of 1 sequences

> KMTNNBBNNRANTATNTHANGNCRDTNNSAHABHABNNMNBABADSBNNN... + 506 bases

Virus original: MKAILVVLLYTFATANADTLCIGYHANNSTDVDTVLEKNVTVTHSVNLLEDKH...

complement(Wu_Han)

DNA vector of 1 sequences

> TAATTTCCAAATATGGAAGGGTCCATTGTTTGGTTGGTTGAAAGCTAGAGA... + 4019 bases

Virus original: ATTAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCT...

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

