



## Evidencia 2. Proyecto Integrador

Ricardo Adolfo González Terán I A01769410

### Zoonosis

La zoonosis es un grupo de enfermedades infecciosas que se transmiten de forma natural de los animales a los seres humanos. Estas enfermedades pueden ser causadas por una variedad de patógenos, tales bacterias, hongos y parásitos. De los 1415 patógenos humanos conocidos en el mundo, el 61% son zoonóticos y, por lo tanto, tienen relación directa con las actividades de la salud pública veterinaria.

La tuberculosis, la brucelosis y muchas enfermedades parasitarias se adquieren al consumir productos animales. Otras muchas enfermedades como la toxoplasmosis, la triquinosis, el dístoma hepático o saguapé se pueden adquirir al consumir carnes insuficientemente cocinadas o aguas o verduras contaminadas.

Las zoonosis cuentan con diferentes modos de transmisión. Las zoonosis directas son enfermedades que se transmiten directamente entre animales (incluidos los seres humanos) a través de medios como el aire, picaduras o saliva. Las zoonosis indirectas son aquellas enfermedades cuya transmisión también puede ocurrir a través de una especie intermedia (a la que se denomina vector), que transporta el agente patógeno.

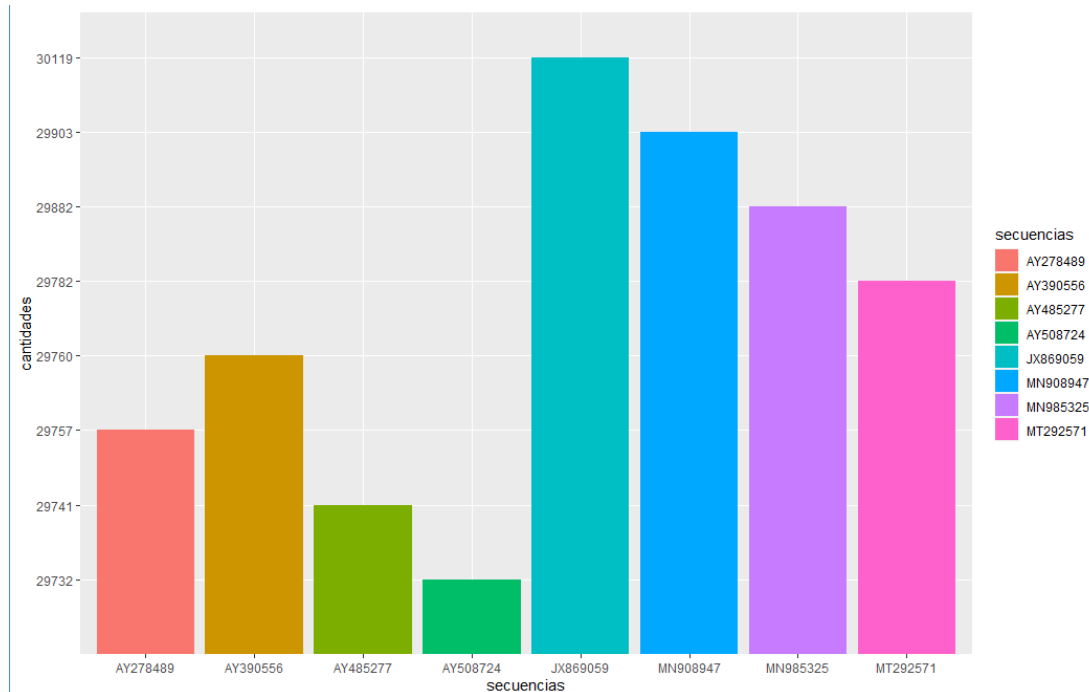
Para el desarrollo del código y de las secciones utilicé las secuencias JX869059, AY508724, MN908947, AY390556, AY278489, MN985325, AY485277 y MT292571.

### Análisis Jerárquico

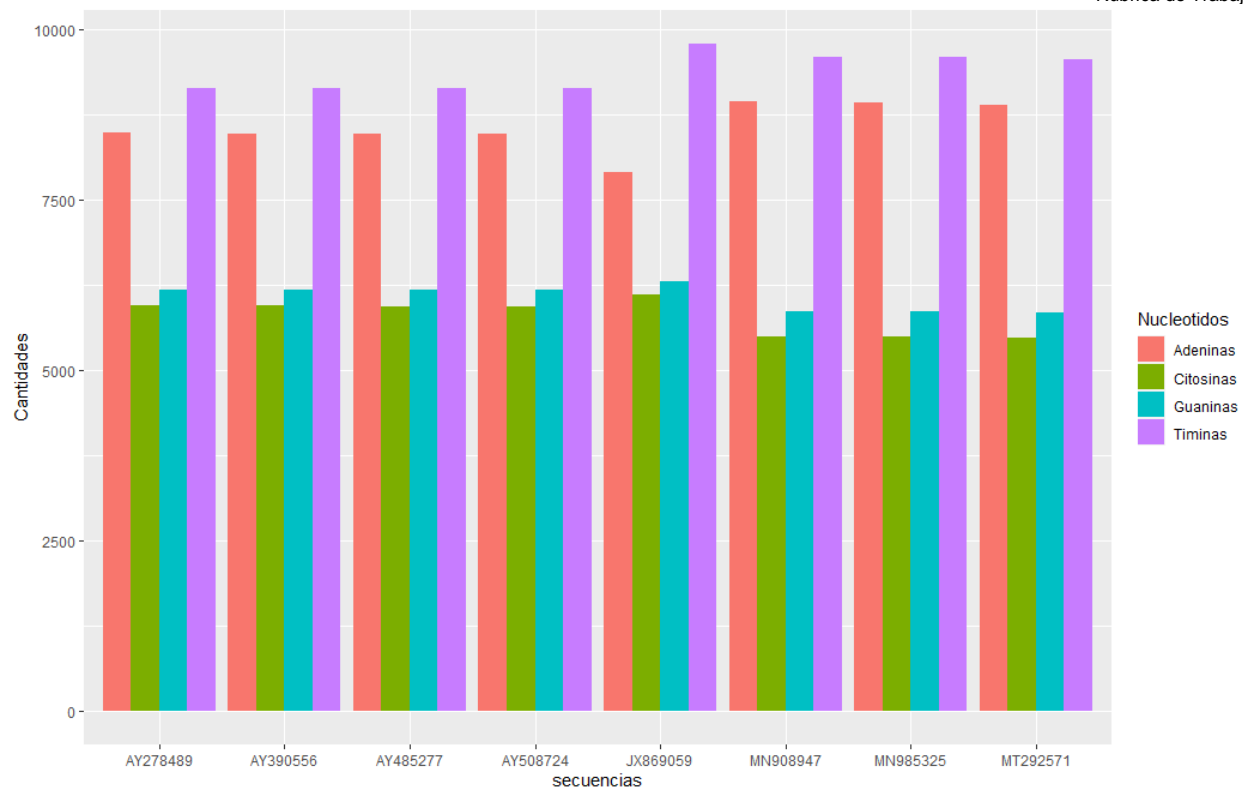
Para la realización de los puntos a continuación ocupe librerías asociadas a RStudio, como lo son "ape", "biostrings" o "ggtree". Dichas librerías me ayudaron a poder hacer los pasos que se detallarán a continuación, en la primera parte del script cree un vector combinado con los nombres de las secuencias, posteriormente los leí con la librería de "ape", para poder obtener la información, así como sus identificadores, esto me sirvió para poder obtener las longitudes de cada secuencia de sus bases de DNA. Posteriormente cree un vector combinado de las cantidades de bases de cada secuencia y con ello y la variable de los nombres de las secuencias cree un "data frame" que englobara las cantidades como sus nombres de las secuencias, esto para ocupar la librería "ggplot2" que me sirvió para poder graficar las cantidades de bases de cada secuencia para compararlas entre si.



## Longitudes de cada secuencia

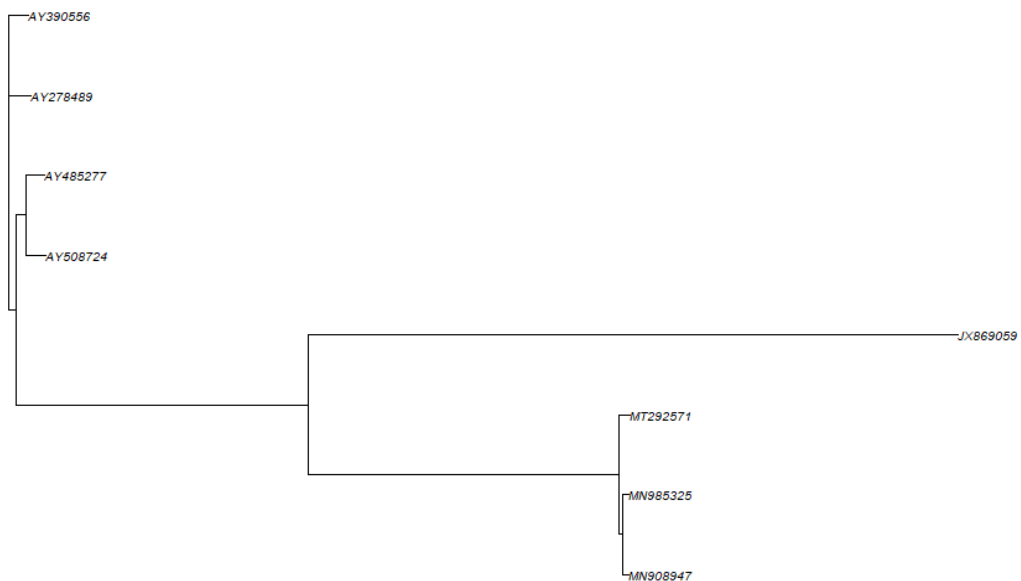


Sobre la grafica podemos notar que algunas secuencias tienen menos cantidad de bases de AND que otras, lo cual puedo creer que se debe a que algunos virus han mutado o han tenido evolución con el paso del tiempo, por lo cual algunos se volvieron mas complejos que otros, o por su parte se han desarrollado mas estudios de estos, por lo que la información y la secuencia se va actualizando.



## Árbol Filogenético de las secuencias

Arbol Filogenético de las secuencias





## Referencias

World Health Organization. (2015, 16 marzo). OMS | Zoonosis y medio ambiente. OMS.  
[https://www.who.int/foodsafety/areas\\_work/zoonose/es/](https://www.who.int/foodsafety/areas_work/zoonose/es/)

colaboradores de Wikipedia. (2021, 17 abril). Zoonosis. Wikipedia, la enciclopedia libre.  
<https://es.wikipedia.org/wiki/Zoonosis>