

## Evidencia\_2

Fernando Fabrizzio Ramirez A01551949, Adrián Martin Hernández Barrientos A01570656, Ian Alexis O

29/4/2021

**Se analizan las secuencias de SARS-CoV-2 en los 20 países con más casos reportados.**

**Verificación de Archivos.**

```
## [1] "/Users/martin/Desktop/Rstudio Tareas/Evidencia_2"
```

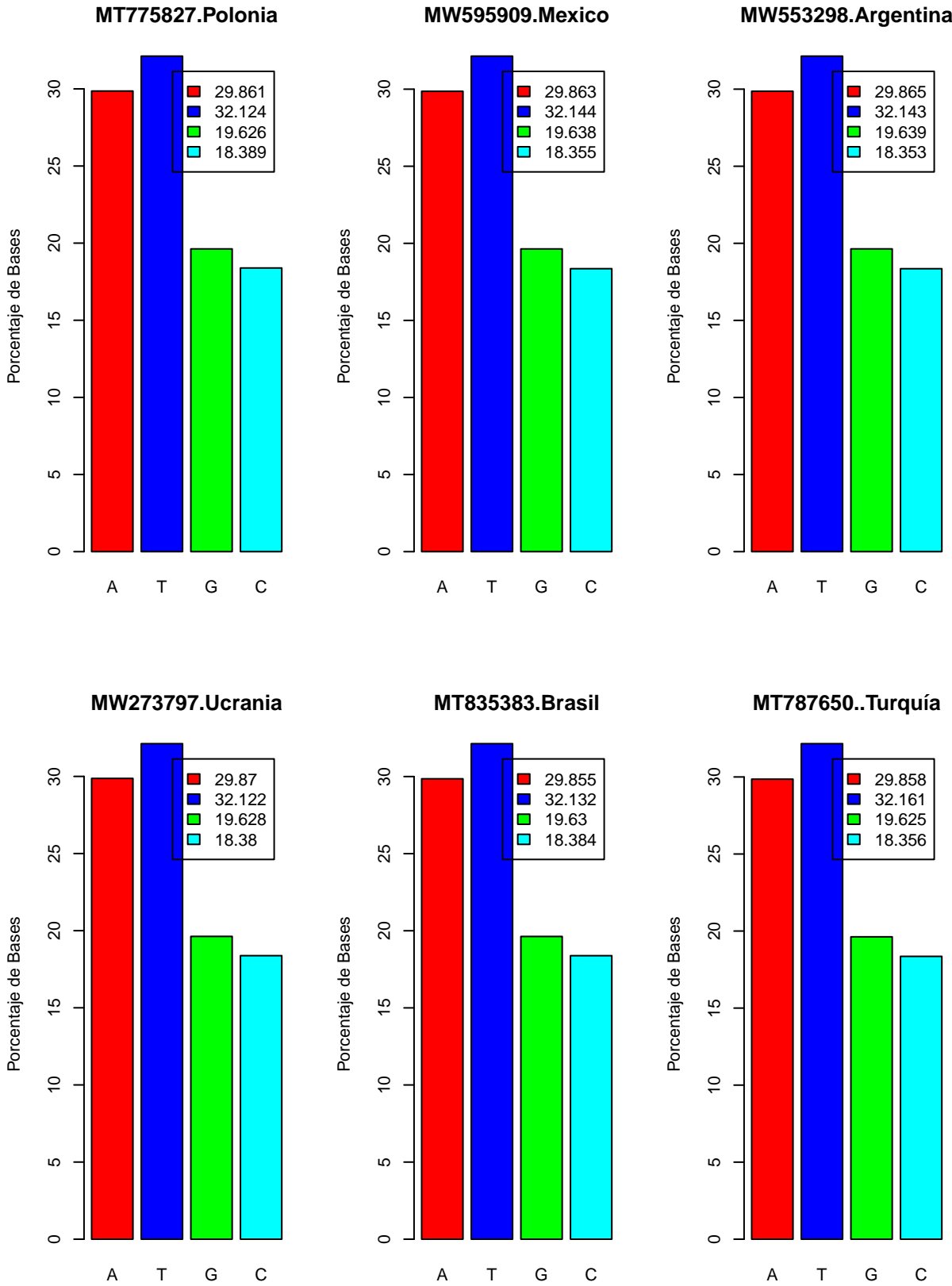
```
## EXITOSO: Verificacion de directorio exitosa, directorio actual 'Evidencia_2'
```

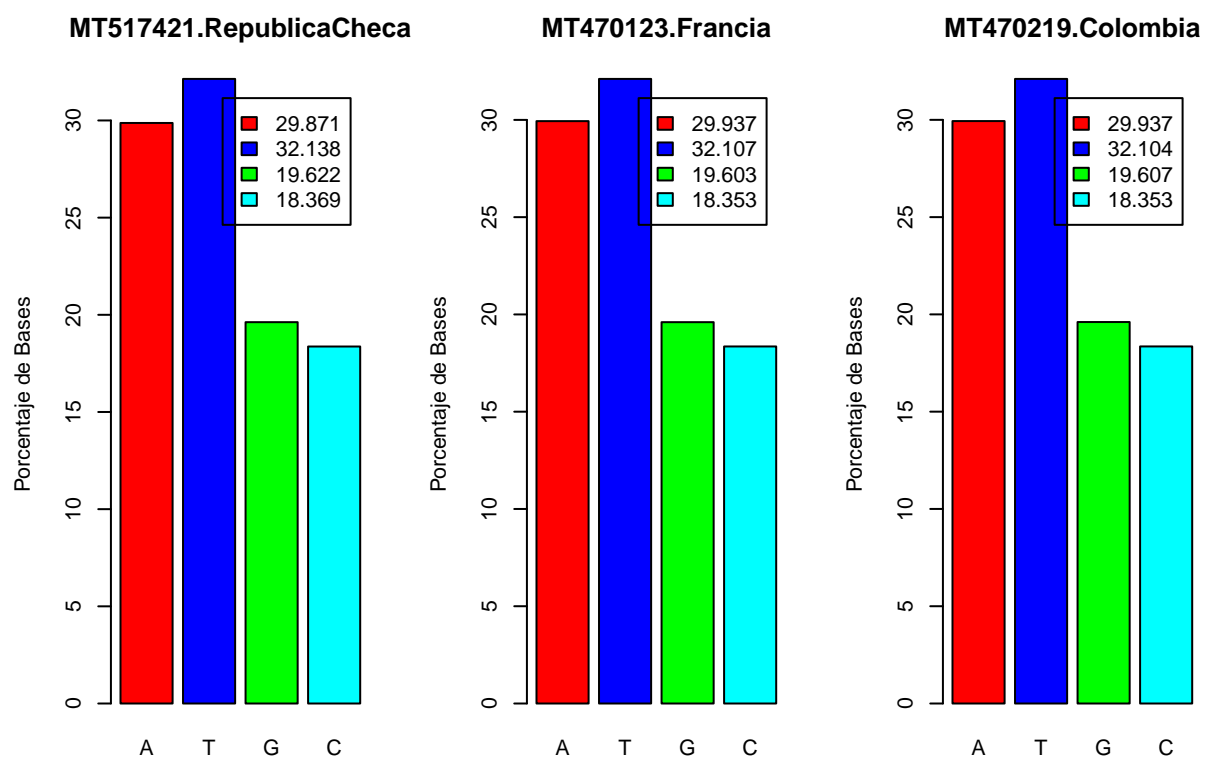
**Longitudes de Secuencias**

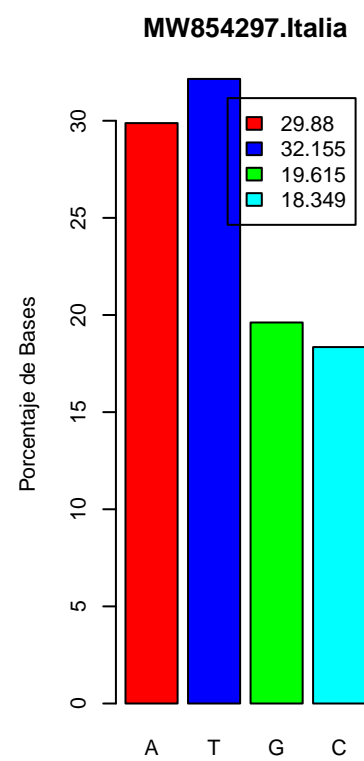
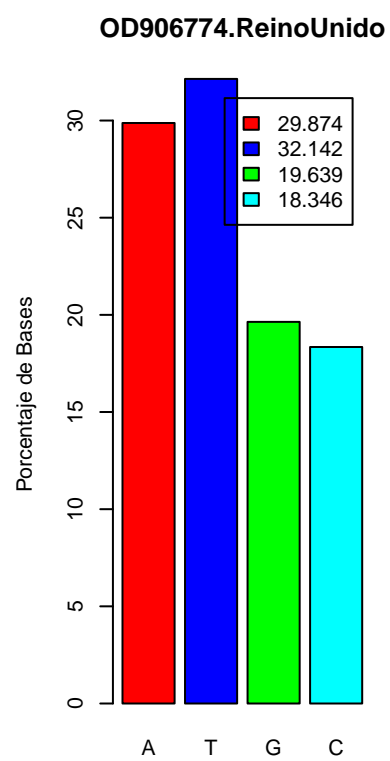
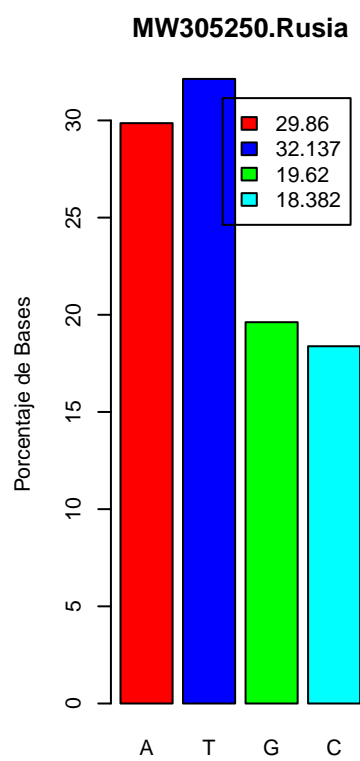
```
## Secuenciana MT775827-Polonia
## Tamaño: 29858
##
## Secuenciana MW595909-Mexico
## Tamaño: 29866
##
## Secuenciana MW553298-Argentina
## Tamaño: 29717
##
## Secuenciana MW273797-Ucrania
## Tamaño: 29799
##
## Secuenciana MT835383-Brasil
## Tamaño: 29858
##
## Secuenciana MT787650--Turquía
## Tamaño: 29813
##
## Secuenciana MT517421-RepublicaCheca
## Tamaño: 29865
##
## Secuenciana MT470123-Francia
## Tamaño: 29903
##
## Secuenciana MT470219-Colombia
## Tamaño: 29903
##
## Secuenciana MW305250-Rusia
## Tamaño: 29735
```

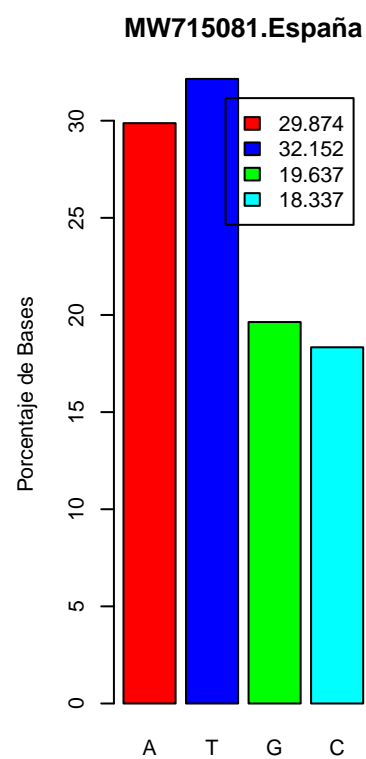
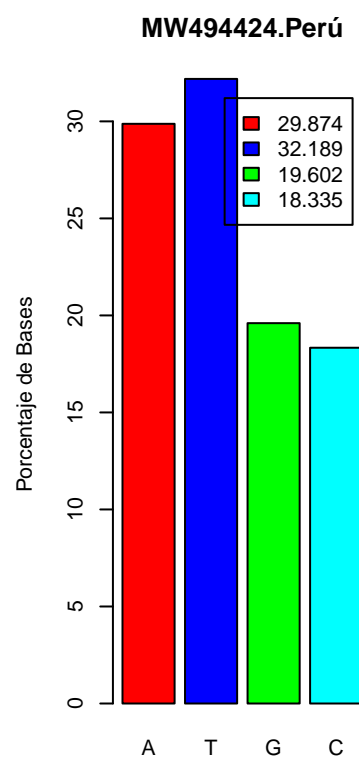
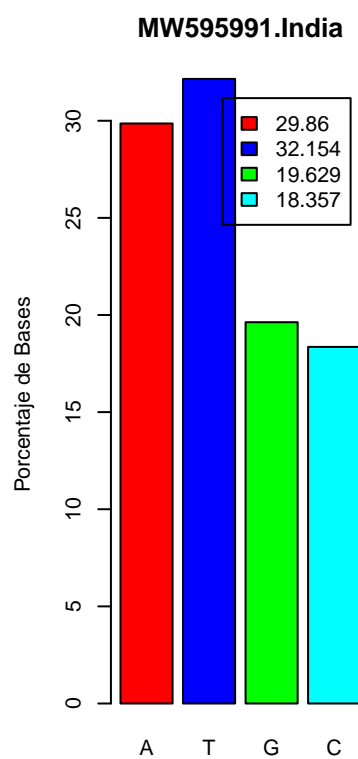
##  
## Secuenciana OD906774-ReinoUnido  
## Tamaño: 29883  
##  
## Secuenciana MW854297-Italia  
## Tamaño: 29849  
##  
## Secuenciana MW595991-India  
## Tamaño: 29782  
##  
## Secuenciana MW494424-Perú  
## Tamaño: 29507  
##  
## Secuenciana MW715081-España  
## Tamaño: 29852  
##  
## Secuenciana MW981442-Sudáfrica  
## Tamaño: 29848  
##  
## Secuenciana MW822592-Alemania  
## Tamaño: 29760  
##  
## Secuenciana MT447172-Indonesia  
## Tamaño: 29823  
##  
## Secuenciana MT320891-Irán  
## Tamaño: 29822  
##  
## Secuenciana MZ008566-USA  
## Tamaño: 29849  
##

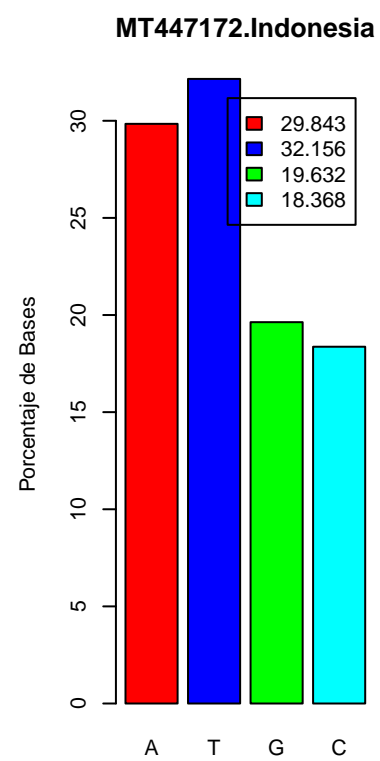
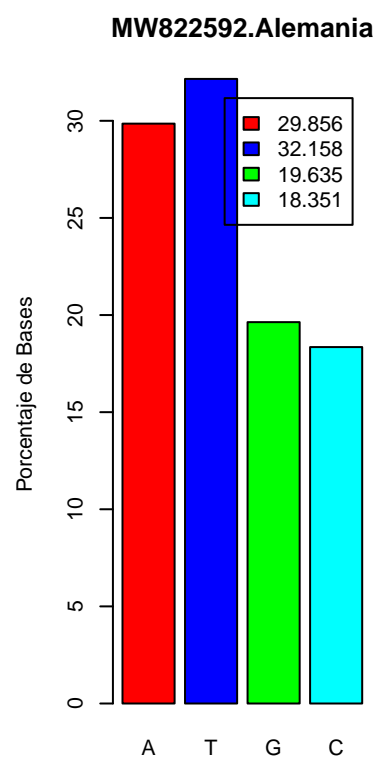
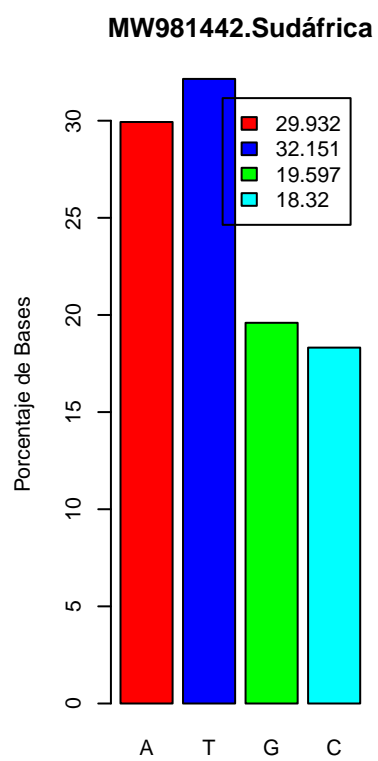
Composición de bases en las secuencias de ADN.

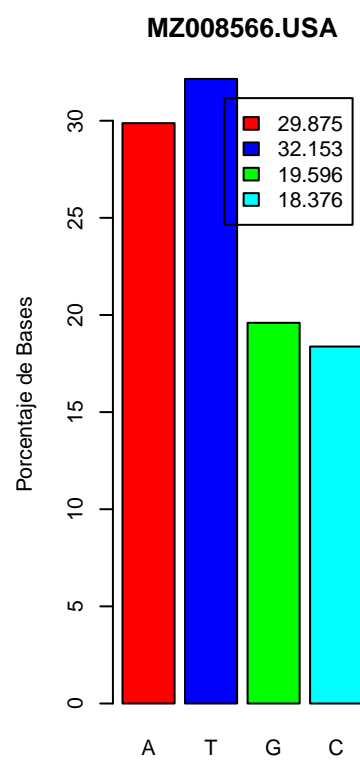
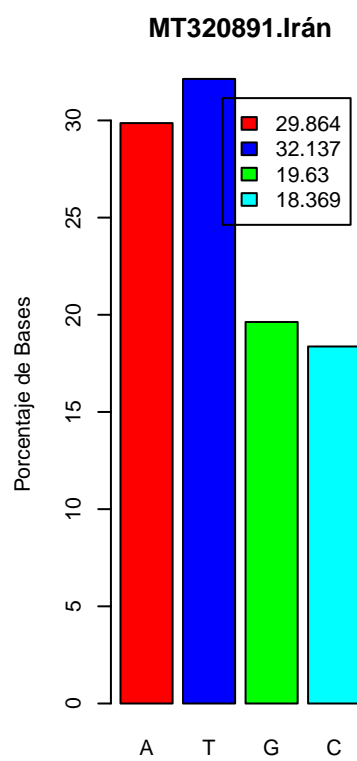






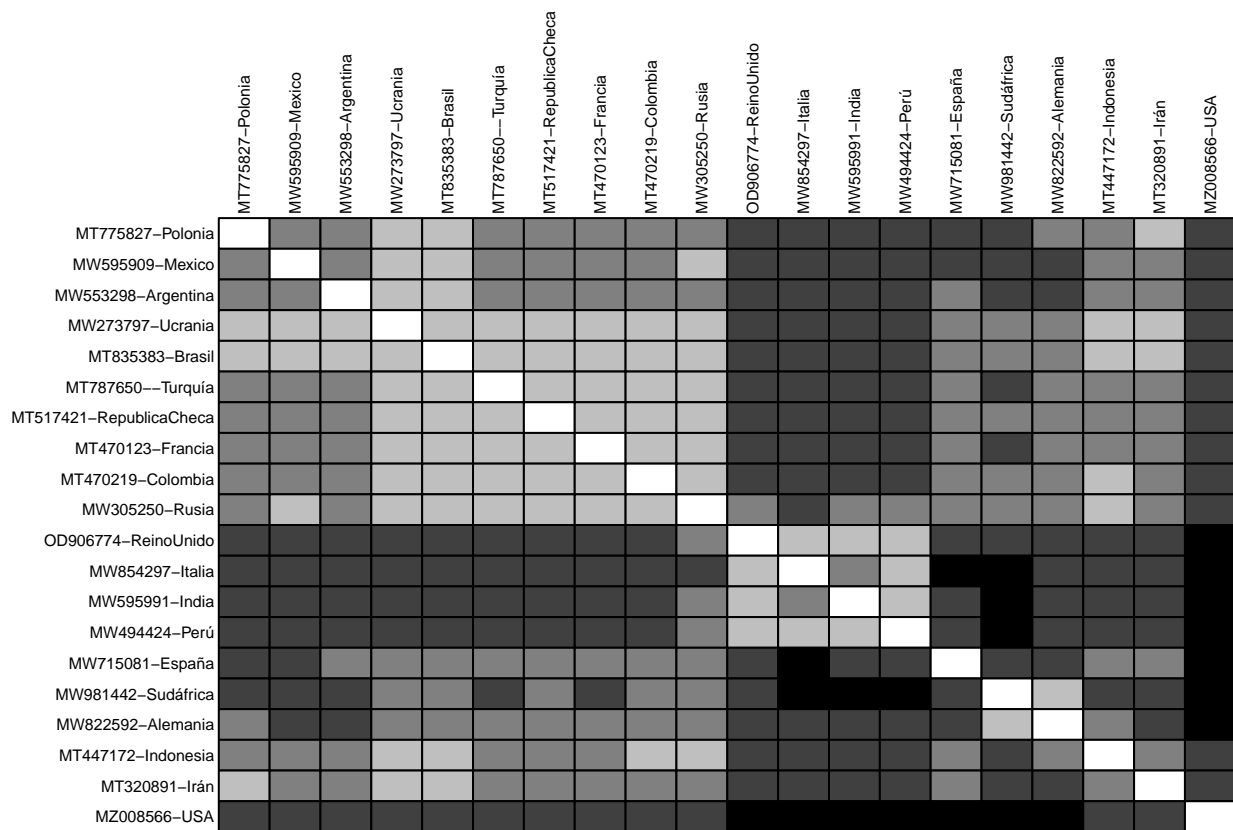








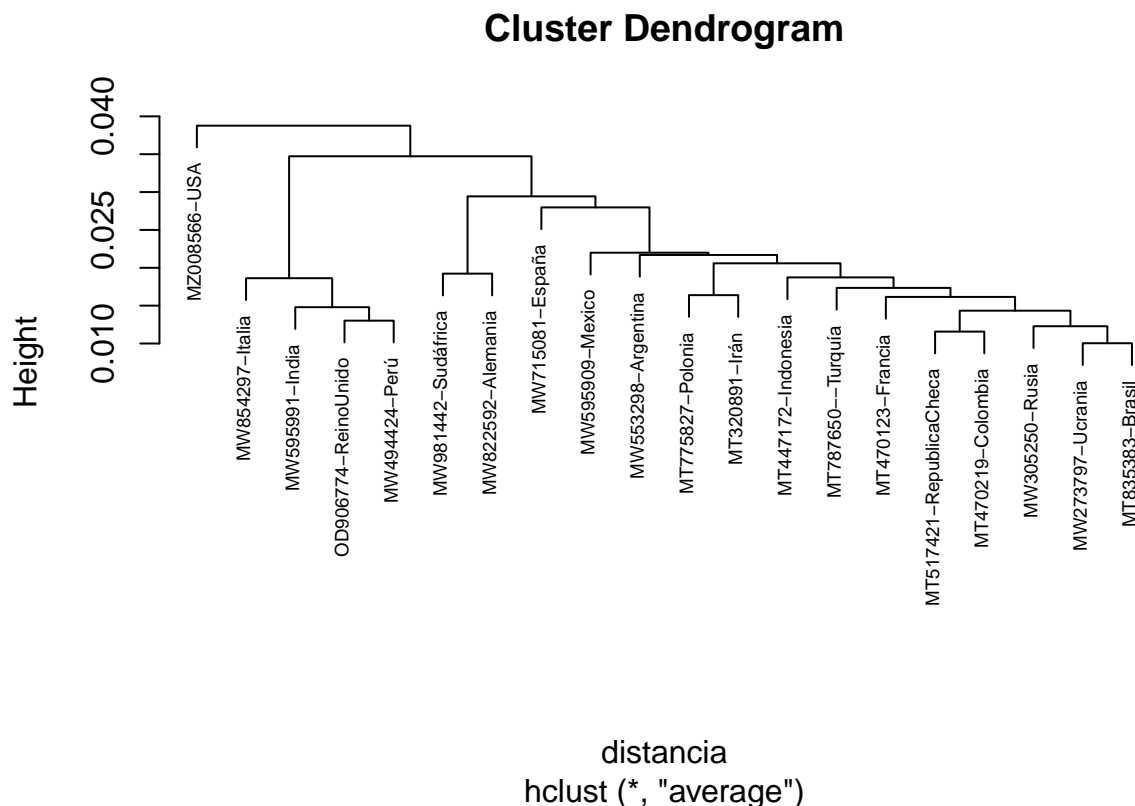
## Matriz de distancias de árbol



## NULL

Liga para ver Secuencias Alineadas (es necesario descargar Evidencia\_2.zip para acc )

## Similaridad en 8 secuencias Variantes de SARS COVID



### Interpretaciones y Conclusiones.

Uno pensaría al ver las tablas que la diferencia entre las variantes de SARS cov 2 de cada país es mínima, ya que al observar el porcentaje de composición de las bases adenina(A),timina (T), citosina (C), guanina (G) de cada secuencia ADN de cada variante, se ve que tienen variaciones muy pequeñas. Por ejemplo, los porcentajes de composición en Estados Unidos, el cuál es el país con más casos constantes de contagio del virus es de A - 29.87% , T - 32.15% , C - 19.59% y G- 18.37% . Si lo comparamos con la posición 20 en la misma lista de países, Sudáfrica A - 29.93% , T - 32.15% , C - 19.59% , G - 18.32% , podemos notar que la composición de las secuencias de Estados Unidos y Sudáfrica es muy similar al igual que sus longitudes de ADN totales con una diferencia (29849-29848) de 1.

Sin embargo se debe recordar que el comportamiento de un virus no solo se dicta por su composición de bases nitrogenadas sino también por su estructura, es decir su composición de aminoácidos. Recordemos que la variación del orden de los codones son las mismas bases pero distintos aminoácidos. Gracias a las diferentes librerías de R que hacen cálculos complejos de secuencias, pudimos obtener y visualizar una matriz que relaciona las similitudes y diferencias entre las secuencias con distancias. Finalmente, con la visualización del árbol filogenético, el cual se utiliza comúnmente para mostrar relaciones evolutivas, se hizo notar la contundente diferencia entre de Estados Unidos y Brasil, así como las similitudes y diferencias entre ciertas variantes y muestras. Impactante es el notar que Estados Unidos y Brasil perteneciendo al mismo continente, sus secuencias de ADN son las menos similares. Por otra parte se observa una distancia casi mínima entre las muestras de México y Argentina, es decir el ADN de ambas variantes es muy similar en contraste a las comparativas de variantes en el mundo.

## Referencias

Todas las secuencias Genéticas fueron extraídas desde NCBI Virus.

- Weiss SR, Leibowitz JL. Coronavirus pathogenesis. *Adv Virus Res.* 2011;81:85-164. doi: 10.1016/B978-0-12-385885-6.00009-2. PMID: 22094080; PMCID: PMC7149603.
- Manuales MSD. (2021, febrero). Coronavirus y síndromes respiratorios agudos (COVID-19, MERS y SARS). Manual MSD versión para profesionales. <https://www.msdmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/virus-respiratorios/coronavirus-y-s%C3%ADndromes-respiratorios-agudos-covid-19-mers-y-sars>
- Razanajatovo NH, Nomenjanahary LA, Wilkinson DA, Razafimanahaka JH, Goodman SM, Jenkins RK, Jones JP, Heraud JM. Detection of new genetic variants of Betacoronaviruses in Endemic Frugivorous Bats of Madagascar. *Virology J.* 2015 Mar 12;12:42. doi: 10.1186/s12985-015-0271-y. PMID: 25888853; PMCID: PMC4404003.
- Wang LF, Eaton BT. Bats, civets and the emergence of SARS. *Curr Top Microbiol Immunol.* 2007;315:325-44. doi: 10.1007/978-3-540-70962-6\_13. PMID: 17848070; PMCID: PMC7120088.
- Abdelrahman, Z. (2020). Comparative Review of SARS-CoV-2, SARS-CoV, MERS-CoV, and Influenza A Respiratory Viruses. *Frontiers*. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2020.552909/full#B55>
- Abdelrahman, Z. (2020b, septiembre 11). Comparative Review of SARS-CoV-2, SARS-CoV, MERS-CoV, and Influenza A Respiratory Viruses. *PubMed*. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33013925/>