

## Datos poblacionales, SNPs (polimorfismos de cadena única) y alelos

### Ejercicio 3

#### 3.1 Selección disruptiva (diversificante) o negativa (purificante)

- a. Encuentre los genes de *P. falciparum* que son los más diversos entre las cepas secuenciadas, y que por lo tanto, aparecen por estar bajo selección disruptiva (pista: para este ejercicio usted necesita usar la búsqueda “Genes by SNP Characteristics” [genes por características de SNP] bajo el menú “Identify Genes by” [identificar genes por:] ver imagen)

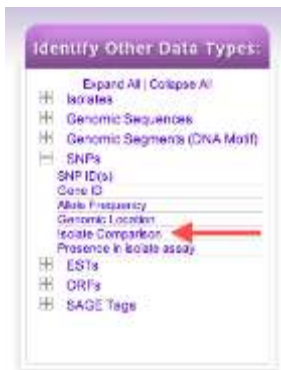


- b. ¿Qué le sorprende sobre los genes conocidos en este grupo de resultados?

#### 3.2 Comparación de aislados

Nota: Para este ejercicio use <http://www.plasmodb.org>

- a. Diríjase a la búsqueda “Identify SNPs based on Isolate Comparison” (identificar SNPs basado en comparación de aislados). (pista: Usted puede encontrar esto bajo “SNPs” en el menú “Identify Other Data Types” [identificar otros tipos de datos]: ver imagen).



b.. ¿Qué hace esta búsqueda?

c. Ahora, ¿puede usted obtener 10 o 11 códigos (IDs) de aislados de Tailandia, y compararlos con aislados provenientes de Brasil?

- Ejecute una búsqueda de aislados basada en la ubicación geográfica.
- Seleccione Tailandia y seleccione “HD\_Array” (HD arreglo) para el ensayo.
- Ejecute esta búsqueda. Ahora usted necesita copiar los códigos (IDs). Para realizarlo fácilmente seleccione “Download results” (descargar resultados), seleccione del menú desplegado “summary-TAB delimited” (resumen –delimitado por TAB) y seleccione “isolate” (aislado). Haga clic sobre “get report” (obtener reporte). Ahora copie la lista de códigos.
- Ahora, diríjase a la búsqueda “Identify SNPs based on Isolate Comparison” (identificar SNPs basado en comparación de aislados) [como lo hizo previamente en “a”) y remplace los aislados en el grupo A con los que usted copio de Tailandia. Ejecute esta búsqueda y examine sus resultados.

### 3.3 Analizando SNPs sobre un lista definida de genes

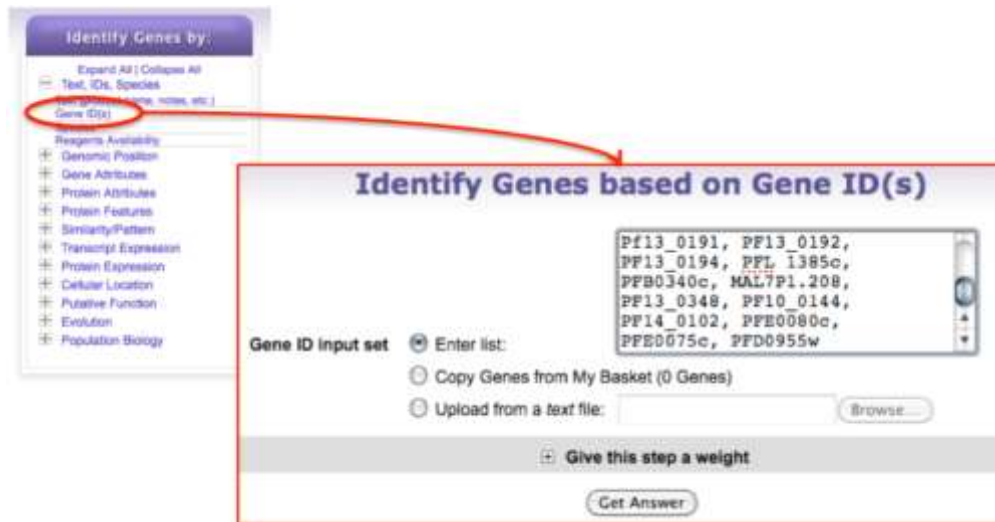
Nota: Para este ejercicio use <http://www.plasmodb.org>

Usted acaba de leer el artículo publicado por Tetteh y colaboradores (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19440377>), en donde ellos realizaron un análisis de SNPs sobre un grupo de genes de *P. falciparum*. Ellos concluyen que dichos genes están bajo selección balanceada – bajo selección disruptiva debido a su exposición a la presión inmunológica del huésped. Usted decide que le gustaría analizar dicha lista de genes in PlasmoDB.

Aquí está la lista de los códigos de los genes de dicho artículo:

PFF0615c, Pf13\_0338, PFE0395c, PF14\_0201, PFF0995c, PF10\_0346, PF10\_0347, PF10\_0348, PF10\_0352, PF13\_0197, PF13\_0196, MAL13P1.174, PF13\_0193, MAL13P1.173, Pf13\_0191, PF13\_0192, PF13\_0194, PFL1385c, PFB0340c, MAL7P1.208, PF13\_0348, PF10\_0144, PF14\_0102, PFE0080c, PFE0075c, PFD0955w

Ponga el listado anterior dentro de un “step” (paso). (Pista: Use la opción de búsqueda “Identify Genes based on Gene ID(s)” [Identificar Genes con base en códigos de genes].



Adicione un paso de SNP para identificar cuántos de estos genes están bajo selección disruptiva. (Pista: la el tipo de búsqueda “genes by SNP” [genes por SNPs] puede ser encontrada bajo el menú “population biology” [biología de la población]). ¿Qué parámetros escogería usted? ¿Esperaría que los genes bajo selección balanceada tuvieran un radio de SNPs no sinónimos/sinónimos alto o bajo?

## Revise Step 2: SNP Characteristics

Reference 

help

Comparator(s) 

help

## Advanced Parameters

SNP Class 

help

Number of SNPs of above class  $\geq$  

help

Number of SNPs of above class  $\leq$  

help

Non-synonymous / synonymous SNP ratio  $\geq$  

help

Non-synonymous / synonymous SNP ratio  $\leq$  

help

SNPs per KB (CDS)  $\geq$  

help

SNPs per KB (CDS)  $\leq$  

help

Give this step a weight

## Combine with Step 1



1 INTERSECT 2



1 UNION 2



1 MINUS 2



2 MINUS 1

Run Step