

Estrategias Complejas con Co-localización Genómica (Ejercicio 11)

11.1 Genes divergentes con perfiles de expresión similares

Nota: para este ejercicio utilice <http://plasmodb.org>.

Identifique genes que se encuentran localizados a menos de 1000 pb entre sí, que se transcriben divergentemente, que están expresados como máximo el día 30 del ciclo iRBC +/- 8 horas y muestran al menos un aumento de 4 veces en la expresión.

- Sugerencia: utilice la búsqueda “Genes based on Microarray Evidence” (Genes base en evidencia de microarreglos) -> “*Intraerythrocytic Infection Cycle (DeRisi)*” (Ciclo de infección intraeritrocítica) -> “[P.f. Intraerythrocytic Infection Cycle \(exprn timing\)](#)”.

Revise Step 1 : P.f. Intraerythrocytic Infection Cycle (exprn timing)

Query based on	Timing of maximal expression
Timing	30 hours
Expression time +/-	8 hours
Max/Min Expression Ratio >=	4 fold induction
Maximum Expression percentile >=	70th percentile
Microarray time course(s) to query	Any of the time courses

Give this search a weight

Give this search a name

- Añada un paso similar al primer paso. Tenga en cuenta que usted puede copiar el primer paso (**y generar una nueva estrategia,**) y luego añadir una estrategia existente para evitar el introducir los parámetros de nuevo.
- Seleccione la operación de co-localización genómica (Relative to ... using relative genomic locations).
- **En lanueva ventra, introductca valores** para identificar aquellos genes que están transcritos en la hebra contraria y que tienen su sitio de inicio localizado a menos de 1000 pb del inicio de otros genes.
- Active la columna “Pf-iRBC expr profile graph (GS array)” para evaluar cómo se aparean los genes (deben estar localizados uno encima del otro si se clasifican por localización) cuando se comparan en términos de expresión.
- Tenga en cuenta que usted podría hacer el mismo tipo de experimentos para conocer posibles co-regulaciones / potenciadores compartidos / promotores divergentes, con otro tipo de datos como:
 - Genes por picos de ChiP-chip en ToxoDB.
 - Motivos de DNA (DNA Motifs) para sitios de unión a factores de transcripción.
 - Por supuesto, otras consultas sobre expresión.
 - Etc ...
- La siguiente página muestra una forma (hay MUCHAS) para configurar la forma de colocación para identificar genes que están transcritos divergentemente y localizados a menos de 1000 pb entre sí.

Combine Step 1 and Step 2 using relative locations in the genome

You had 684 Genes in your Strategy (Step 1). Your new Genes search (Step 2) returned 684 Genes.

"Return each Gene from Step 1 whose upstream region overlaps the upstream region of a Gene in Step 2 and is on the opposite strand"

Submit Close

11.2 Encontrar posibles genes de expresión de ooquistes basados en motivos de ADN.

Nota: para este ejercicio utilice <http://toxodb.org>

En el ejercicio 11.3 usted definió un número de genes de *T. gondii* que se encuentran preferentemente expresados en los estadios de ooquistes. Cómo puede utilizar esta información para expandir el número de posibles genes de ooquistes regulados? Una posibilidad es tratar de definir los elementos comunes en las regiones promotoras o 5'UTR (es decir, el 5' del inicio de los genes). Para esto tendrá que ser capaz de recuperar la secuencia 5' de todos los genes en la lista de ooquistes. Cómo podría hacer esto? (pista: haga click en los genes descargados, a continuación seleccione el formato FASTA desde el menú desplegable). La cantidad de secuencia ascendente que se recupera depende de usted.

Después de que tenga sus secuencias, usted necesitará correrlas a través de un buscador de patrones de ADN como MEME (http://meme.ncr.net/meme4_6_1/intro.html). Los resultados de una petición para MEME pueden tomar muchas horas, así que para su comodidad 300 nucleótidos corriente arriba de todos los resultados de ooquistes fueron analizados utilizando MEME – los resultados se pueden ver aquí: <http://ws.ncr.net/app1307935081632/meme.html#overview>

Puede tomar uno de los motivos generados en MEME y encontrar genes de *T. gondii* adicionales que contengan este motivo en sus regiones corriente arriba? Cómo lucen sus resultados? Obtuvo muchos o muy pocos resultados? Cómo modificaría el motivo para cambiar sus resultados?