

TRABAJO PRÁCTICO N°4

Actividad 1. La secuencia es parte de un gen que codifica para una proteína.

CCACGACAGAAC

- Determine para cada sitio cuántas posibles mutaciones sinónimas y no sinónimas pueden ocurrir.
- ¿Qué efecto tendría en la secuencia la delección del nucleótido 5? Muéstrelo.

| | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|------|-----|------|
| TTT | Phe | TCT | Ser | TAT | Tyr | TGT | Cys |
| TTC | Phe | TCC | Ser | TAC | Tyr | TGC | Cys |
| TTA | Leu | TCA | Ser | TAA | stop | TGA | stop |
| TTG | Leu | TCG | Ser | TAG | stop | TGG | Trp |
| CTT | Leu | CCT | Pro | CAT | His | CGT | Arg |
| CTC | Leu | CCC | Pro | CAC | His | CGC | Arg |
| CTA | Leu | CCA | Pro | CAA | Gln | CGA | Arg |
| CTG | Leu | CCG | Pro | CAG | Gln | CGG | Arg |
| ATT | Ile | ACT | Thr | AAT | Asn | AGT | Ser |
| ATC | Ile | ACC | Thr | AAC | Asn | AGC | Ser |
| ATA | Ile | ACA | Thr | AAA | Lys | AGA | Arg |
| ATG | Met | ACG | Thr | AAG | Lys | AGG | Arg |
| GTT | Val | GCT | Ala | GAT | Asp | GGT | Gly |
| GTC | Val | GCC | Ala | GAC | Asp | GGC | Gly |
| GTA | Val | GCA | Ala | GAA | Glu | GGA | Gly |
| GTG | Val | GCG | Ala | GAG | Glu | GGG | Gly |

Actividad 2. Test para “neutral evolution” o “positive/purifying selection”

- Iniciar el programa MEGA. Abrir el archivo genA.fas/ genB.fas: File – Open a file. Alinear. Guardar alineamiento en formato MEGA: Save Alignment as MEGA y nómbrelo alineamiento2.meg. Alternativamente guárdelo como alineamiento2.mas. [opcional: Cerrar y volver a abrir el alineamiento2.meg. Aparecerá una pregunta, conteste: “Analyze”, “Nucleotide”, protein-coding=yes, “Standard” genetic code.]
- Para calcular dn/ds y determinar el tipo de evolucion: Seleccionar “Selection— Codon-based Z test of selection” y aparecerán opciones. Seleccionar dentro del campo Scope: In sequence pairs y dentro del campo Model/Method: modified

Nei-Gojobori Method (Jukes-Cantor). Y dentro del campo Test hypothesis, elegir HA: positive selection y computar. Observar los resultados en la tabla. En la mitad derecha superior de la tabla, aparecen los valores del test: dN-dS. En el otro lado de la tabla, podrá ver el p value para cada comparación de a pares. En amarillo cuando la hipótesis nula es rechazada si $p < 0.05$. Guardar como archivo excel. Qué valores del test observa? Qué significan estos valores de acuerdo a la evolución del gen? Encontró valores p significativos?

- c) Repetir con HA: Purifying selection. Qué valores del test observa? Qué significan estos valores de acuerdo a la evolución del gen? Encontró valores p significativos?

- d) ¿Cómo es la evolución del gen en plantas?

- e) Repetir con el alineamiento que incluye las algas (alineamiento1.fas). Observó alguna diferencia respecto a las conclusiones obtenidas con el alineamiento de plantas?

- f) Imagine y anote ejemplos de genes que puedan estar evolucionando bajo selección positiva, neutral o purificadora, respectivamente.