

$$I_n[1]:$$

Escriba aquí su código para el ejercicio 1

import Bio
from Bio.Seq import Seq

import ve

def download-pubmed (Keyword)

función que en input = búsqueda
publicada y en out documento que
contiene la

Entrez email = adriana.pujol@est.illinois.edu

```
handle = Entrez.search(db="pubmed",
                        term = "keyword" + "[Title]",
                        usehistory = "y")
```

```
record = Entrez.read(handle)
id = list(record["Id"])
```

weben v = record ["webben v"]

query-key = query-key)
-handle = open(keyword + ".txt", "w")

```

    ta = handle.read()
    handle.close()
    out_handle.write(data)
    out_handle.write(data)

```

out-handle. close ()

Σ major + ve

import cell

to plot as of mat plot lib. import

from geopy geocodes import Counter

```
def science_plots(data):
```

with open('data/' + data_errors + 'ignore') as f:

```
ext0 = 1 + read(e)
```

counters = 1 - ve. find all (1" A/D's of 27 =

"1.15" (extra)

unique = countries > 1161 (set (countries - 1))

country = Country (country - 1)

resultado = 99

for place in center:

if value λ

resultado [Clave] = valor

$$\text{ordenar} = \text{sorted(resultado, reverse=True)}$$

input operator

parab = CI

contador: 1.7

Solo 2 lines

Ejercicio 3 [1.5 puntos]

Ejercicio 1

La foto descargada en el ejercicio 2.

In [2]:

Escriba aquí su código para el ejercicio 2

```

= download-pubmed ("Ecuador chagas")
print ("El número de artículos para Ecuador")
Q5AR

```

```
print ("El número avfculos para Ecuador Q5AR es: ", len(f))
```

Para cada corrida, imprima lo siguiente:

- Descargar la data, utilizando los keyword de su preferencia.
- Guardar el archivo descargado en la carpeta data .

Utilice dos veces la función `download_pubmed` para:

Ejercicio 2 [2 puntos]

out-handle close ()
return id-list

[4]:

Escriba aquí su código para el ejercicio 3

Science-plots ("Ecuador chagas")
science-plots ("Ecuador QASAP")

Ejercicio 2 [2 puntos]

Utilice dos veces la función `download_pumbed` para:

- Descargar la data, utilizando los keyword de su preferencia.
- Guardar el archivo descargado en la carpeta `data`.

Para cada corrida, imprima lo siguiente:

'El número artículos para KEYWORD es: XX' # Que se cargue con inserción de texto o valor que correspondea KEYWORD y XX

In [2]:

Escriba aquí su código para el ejercicio 2

```
f = download_pumbed('Ecuador chagas')
print ("El número artículos para Ecuador chagas es:", len(f))

f1 = (download_pumbed('Ecuador chagas'))
print ("El número artículos para Ecuador QASAP es:", len(f1))
```

Ejercicio 3 [1.5 puntos]

Utilice dos veces la función `science_plots` para:

data descargada en el ejercicio 2.

Ejercicio 4 [1 punto]

Interprete los resultados de las figuras del ejercicio 3

En la búsqueda de Ecuador Chagas, se pudo obtener 71 artículos que en su mayoría pertenecen a la lista de enfermedades tropicales desatendidas. El gráfico muestra la mayoría de los autores son Ecuatorianos. En el 2º y 3er países Europeos (España, Italia) indicando que los países que colaboran con la investigación sobre el mal de Chagas son Ecuador, Francia, España, Italia y Brasil. Según estos son países tropicales y presentan un importante índice de la enfermedad. Mientras que en la búsqueda "Ecuador QASAP" se pudieron obtener 14 artículos y 13 autores, es probable que QASAP es una metodología de investigación que se puede usar la estructura-función de posibles corrientes moleculares. Las publicaciones para utilizarlas en Ecuador, debido a la búsqueda el país y presentar mejor acceso. Los autores que colaboran con Ecuador, España, Francia, indicando genes por filogenética (<https://www.genome.jp/athmway/map00010+C000683>), realice lo siguiente:

Ejercicio 5 [2 puntos]

Para algún gen de las enzimas que intervienen en la ruta metabólica de la gluconeogénesis (lista de genes por filogenética (<https://www.genome.jp/athmway/map00010+C000683>)), realice lo siguiente:

1. Una búsqueda en la página del NCBI nucleotide (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>).
2. Descargue el Accession List de su búsqueda y guarde en la carpeta `data`.
3. Cargue el Accession List en este notebook y haga una descarga de las secuencias de los quince primeros IDs de la accesión.
4. Arme un árbol filogenético para los resultados del paso 3.
5. Guarde su árbol filogenético en la carpeta `img`.
6. Interprete el árbol del paso 4.

In [3]:

```
# Escriba aquí su código para el ejercicio 6
from Bio import Phylo
from Bio import SeqIO
from Bio import AlignIO
from Bio.phylo.TreeConstruction import Distance Calculator
from Bio.Phylo.TreeConstruction import Distance TreeConstructor

from Bio import Entrez
import re
import os
from Bio.Align.Applications import ClustalwCommandline
with open ("sequence.seq") as f:
    data = f.readlines() [0:10]
```

Solo 2 líneas

E

```
out_sequence = open ("secuencias.fasta", "w")
for linea in data:
    Entrez.email = "adriana.pujota@est.kiam.edu.ec"
    handle = Entrez.fetch(db = "nucleotide", id=linea, rettype =
    "fasta", retmode = "text")
    data = (handle.read())
    out_sequence.write(data)
out_sequence.close()

clustalw_exe = r"C:\Program Files(x86)\Clustalw2\clustalw2.exe"
clustalw_cli = ClustalwCommandline(clustalw_exe, infile = "secuencias
    .fasta")
assert os.path.isfile(clustalw_exe), "Clustal w executable
    not found"
stdout, stderr = clustalw_cli
print (clustalw_cli)
ClustalAlign = AlignIO.read ("secuencias.aln", clustal)
print (ClustalAlign)
```

4/4