

Laboratorio 04 - Filogenética Molecular

En este laboratorio vamos a familiarizarnos con la plataforma phylogeny.fr para la inferencia de filogenias usando distintos métodos

Plataforma phylogeny.fr y preparación de datos

Comencemos por ir a la página donde vamos a trabajar hoy día

- Ve a phylogeny.fr [aquí](#)

phylogeny.fr

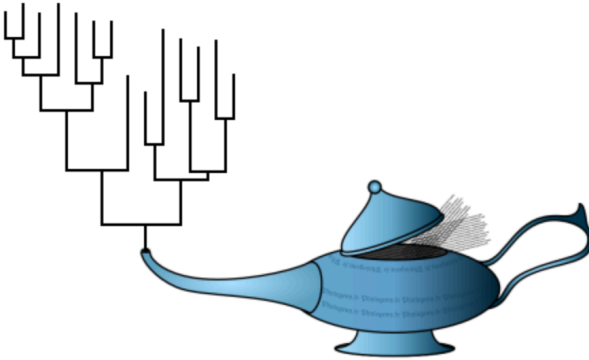
Méthodes et Algorithmes pour la Bio-informatique LIRMM

Information Génomique et Structurale

Home Phylogeny Analysis Blast Explorer Online Programs Your Workspace Documentation Downloads Contacts

Phylogeny.fr

Robust Phylogenetic Analysis For The Non-Specialist



Phylogeny.fr is a free, simple to use web service dedicated to reconstructing and analysing phylogenetic relationships between molecular sequences.

Phylogeny.fr runs and connects various bioinformatics programs to reconstruct a **robust phylogenetic tree from a set of sequences**.

If you use this site, please cite:

■ Dereeper A.*, Guignon V.*, Blanc G., Audic S., Buffet S., Chevenet F., Dufayard J.F., Guindon S., Lefort V., Lescot M., Claverie J.M., Gascuel O. *Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist*. Nucleic Acids Res. 2008 Jul 1;36(Web Server issue):W465-9. Epub 2008 Apr 19. ([PubMed](#)) *: joint first authors

■ Dereeper A., Audic S., Claverie J.M., Blanc G. *BLAST-EXPLORER helps you building datasets for phylogenetic analysis*. BMC Evol Biol. 2010 Jan 12;10:8. ([PubMed](#))

==== Mirror site =====

- Navega dentro del portal siguiendo vínculos a, por ejemplo, "Phylogeny analysis", "Online programs" y finalmente a la documentación

Responde:

¿Qué cosas ofrece este portal?

¿Para qué tipo de usuario está diseñado?

Menciona 5 tipos de análisis que se pueden realizar en el portal de acuerdo a la documentación

En este laboratorio vamos a usar los genes SRY que colectaste hace dos clases atrás en el laboratorio de alineamiento. Ve a la parte 1 del laboratorio 2 y ibtén un archivo con secuencias [SRY](#)

En este laboratorio vamos a navegar a través de los procedimientos básicos de cómo coleccionar secuencias génicas, cómo realizar un alineamiento múltiple, y cómo diseñar partidores para PCR

Parte 1: Colectar genes homólogos

Comencemos por ir a NCBI y buscar un gen de interés.

- Ve a la base de datos de genes de [NCBI](#) y busca el gen SRY.

The screenshot shows the NCBI Gene database page for the SRY gene (sex determining region Y) in Homo sapiens. The page is titled "SRY sex determining region Y [Homo sapiens (human)]" and includes the Gene ID: 6736, updated on 6-Mar-2016. The "Summary" section provides details about the gene's official symbol, full name, primary source (HGNC:HGNC:11311), and its function as a transcription factor. The "Genomic context" section shows the gene's location on the Y chromosome (NC_000024.10) and its position relative to other genes (CDY1, CDY2, SRY, TSPY1, TSPY2). The "Genomic regions, transcripts, and products" section is partially visible at the bottom.

De todas maneras puedes descargar el archivo listo [aquí](#)

- Tu misión es inferir dos filogenias
- Una con ProbCons, GBlocks, MrBayes, y TreeDyn
- Otra con ClustalW, "Remove positions with gaps", TNT, y TreeDyn

phylogeny.fr

Méthodes et Algorithmes pour la Bio-informatique LIRMM

Information Génomique et Structurale

Home Phylogeny Analysis Blast Explorer Online Programs Your Workspace Documentation Downloads Contacts

"A la Carte" Mode

Alignment MUSCLE → Curation Gblocks → Phylogeny PhyML → Tree Rendering TreeDyn

1. Workflow Setup

Workflow Settings

Name of the analysis (optional):

Choose processing steps to run and select software to use:

☒ Multiple Alignment:

- ☒ MUSCLE
- ☐ ProbCons
- ☐ T-Coffee
- ☐ ClustalW

☒ Alignment curation:

- ☒ Gblocks
- ☐ Remove positions with gaps

☒ Construction of phylogenetic tree:

Maximum Likelihood

- ☒ PhyML

Parsimony

- ☐ TNT

Distances

- ☐ ProtDist/FastDist + BioNJ
- ☐ ProtDist/FastDist + Neighbor

Bayesian inference

- ☐ MrBaves (limit: 30 sequences)

Responde:

¿A qué se refiere el paso de *Alignment curation* y para qué sirve?

¿Cuál es la diferencia entre BioNJ y Neighbor? (Pista: revisa la documentación)

Corre de nuevo las filogenias pero esta vez sin *Alignment curation*. ¿Cuál es el efecto en las filogenias?

Describe las diferencias entre las filogenias que has estimado: cantidad de grupos monofiléticos, relaciones que potencialmente cambiaron, etc.

Recuerda que debes entregar no solo la respuesta a las preguntas sino que también pantallazos de las

filogenias terminadas. En la casilla *name of the analysis* ingresa tu número de RUT como identificador.

Trabajo de laboratorio para la próxima semana

El trabajo de laboratorio para la próxima semana consta de dos partes. La primera parte ya la tienes lista. Simplemente tienes que responder las preguntas que aparecen a través de esta guía y enviar un informe a bioinformatica.unab2016@gmail.com NO al profesor! Envien a este correo los informes hasta el jueves de la semana siguiente a la realización del práctico. La hora límite es las 23:59. En el Asunto del correo pongan Informe de Laboratorio 0x así nosotros podemos clasificar automáticamente los informes. Para la próxima semana el Asunto del correo debería ser Informe de Laboratorio 04.

| Profesor | Nombre | Correo electrónico |
|-----------------------------|---------------------------|------------------------------|
| Profesor responsable | Dr. Eduardo Castro Nallar | eduardo.castro@unab.cl |
| Profesor ayudante sección 1 | Ingrid Araya Durán | ingrid.araya.duran@gmail.com |
| Profesor ayudante sección 1 | Sandro Valenzuela | sandrolvalenzuelad@gmail.com |
| Profesor ayudante sección 2 | Javier Cáceres | ja.caceresmolina@gmail.com |
| Profesor ayudante sección 2 | Consuelo Bello | consuelobelloz@gmail.com |

La segunda parte tiene que ver con leer un capítulo de libro sobre este tema. Ahora, el capítulo es muy largo para una semana por lo que solo tienen que leer la parte *Step 1* y *Step 5*:

Puedes acceder al capítulo [aquí](#). Recuerda que el contenido de este capítulo es el material para el próximo control de entrada.