

# **CLASE 13**

## **Genómica poblacional**

### **DBT 792 GENÉTICA Y GENÓMICA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**

**Profesor  
Dr. José Gallardo**

# PLAN DE LA CLASE

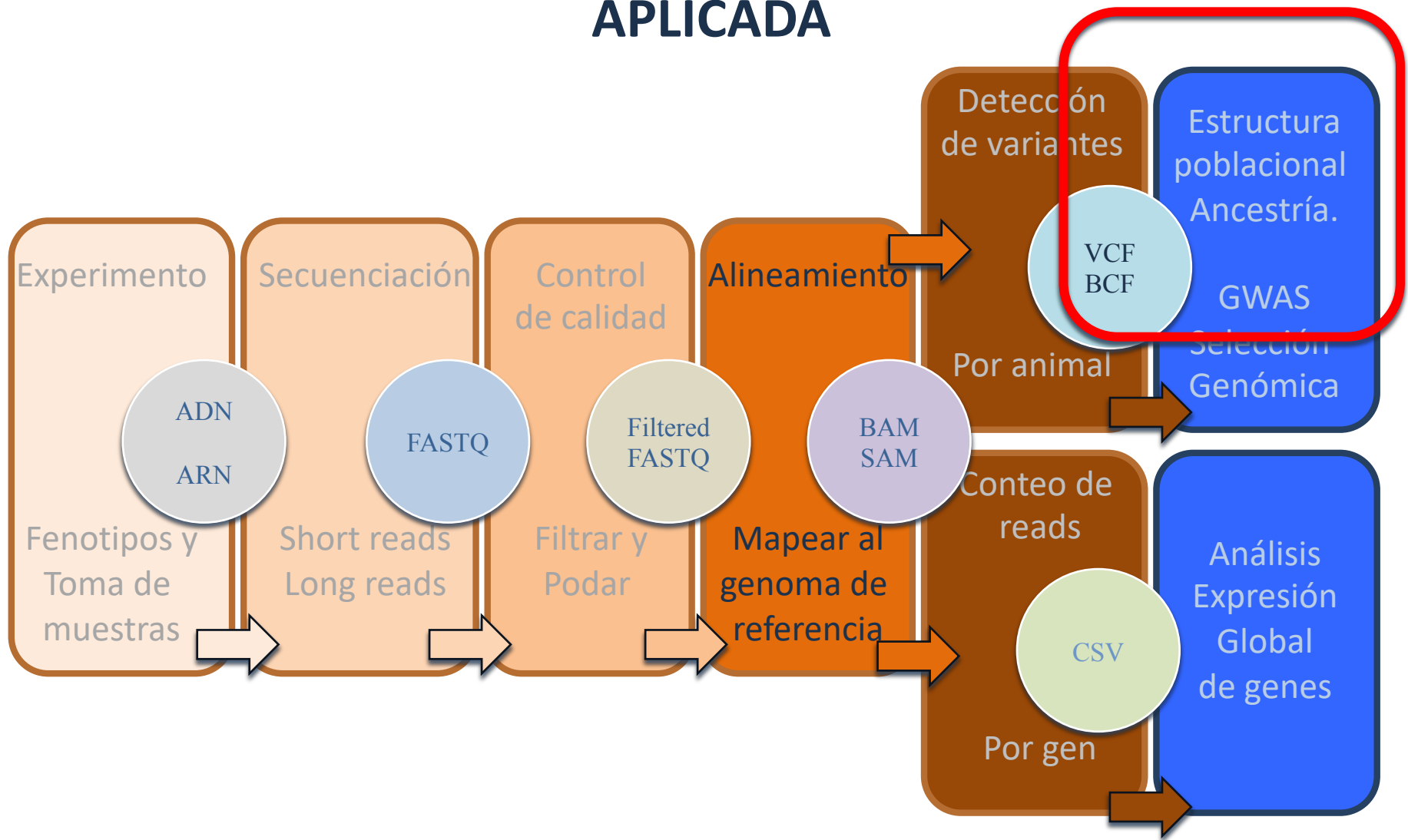
## Introducción

- Repaso flujo de trabajo proyecto genómica aplicada.
  - Software
- 1) vcftools: manipula y procesamiento genético-estadístico básico archivos .vcf
  - 2) plink: manipula y procesamiento genético-estadístico avanzado archivos .vcf
  - 3) Admixture: Gold standard para análisis de ancestría individual.

## Práctica

- Linux para genómica: Genómica poblacional

# FLUJO DE TRABAJO DE UN PROYECTO DE GENÓMICA APLICADA



# Software plink

[PLINK 1.9 home](#)[plink2-users](#)[GitHub](#)[File formats](#)[PLINK 1.9 index](#)[PLINK 2.0](#)[Introduction, downloads](#)[S: 16 Jun 2020 \(b6.18\)](#)[D: 16 Jun 2020](#)[Recent version history](#)[What's new?](#)[Future development](#)[Limitations](#)[Note to testers](#)[\[Jump to search box\]](#)[General usage](#)[Getting started](#)

## PLINK 1.90 beta

This is a comprehensive update to Shaun Purcell's [PLINK](#) command-line program, developed by [Christopher Chang](#) with support from the [NIH-NIDDK's](#) Laboratory of Biological Modeling, the [Purcell Lab](#), and others. ([What's new?](#)) ([Credits.](#)) ([Methods paper.](#)) (Usage questions should be sent to the [plink2-users Google group](#), not Christopher's email.)

## Binary downloads

## Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets

[Christopher C Chang](#) , [Carson C Chow](#), [Laurent CAM Tellier](#),  
[Shashaank Vattikuti](#), [Shaun M Purcell](#), [James J Lee](#)

*GigaScience*, Volume 4, Issue 1, December 2015, s13742-015-0047-8,

<https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>

# Software admixture

## ADMIXTURE: fast ancestry estimation

[HOME](#)[NEWS](#)[DOWNLOAD](#)[PUBLICATIONS](#)[CONTACT](#)

**ADMIXTURE** is a software tool for maximum likelihood estimation of individual ancestries from multilocus SNP genotype datasets. It uses the same statistical model as STRUCTURE but calculates estimates much more rapidly using a fast numerical optimization algorithm.

Alexander, D.H., Lange, K. Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. BMC Bioinformatics 12, 246 (2011). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-246>

# OBJETIVOS DEL TRABAJO PRÁCTICO

Esta práctica tiene como propósito:

- Trabajar con archivos vcf y calcular diversos parámetros de diversidad genética poblacional con los software vcftools, plink y admixture.
- Set de datos: Genotipos de 3 poblaciones de salmón del Atlántico disponibles en bases de datos públicas en formato .vcf