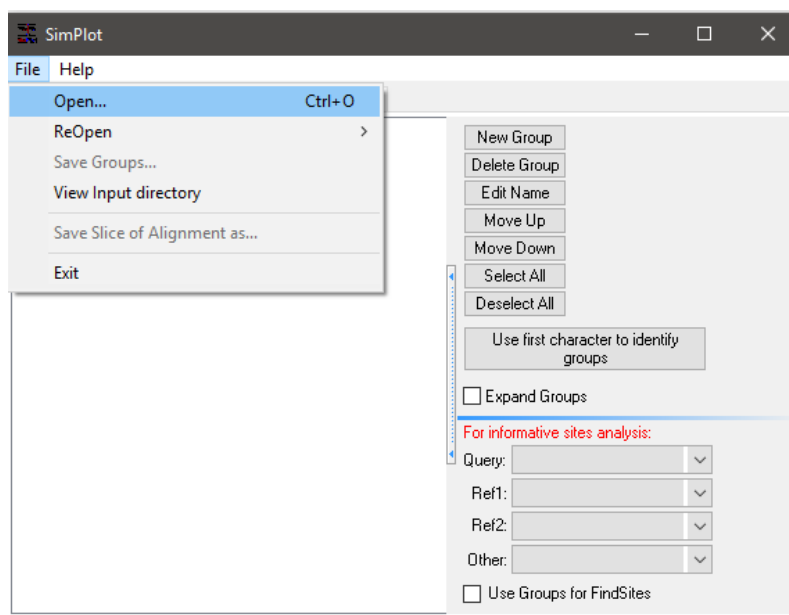


Simplot

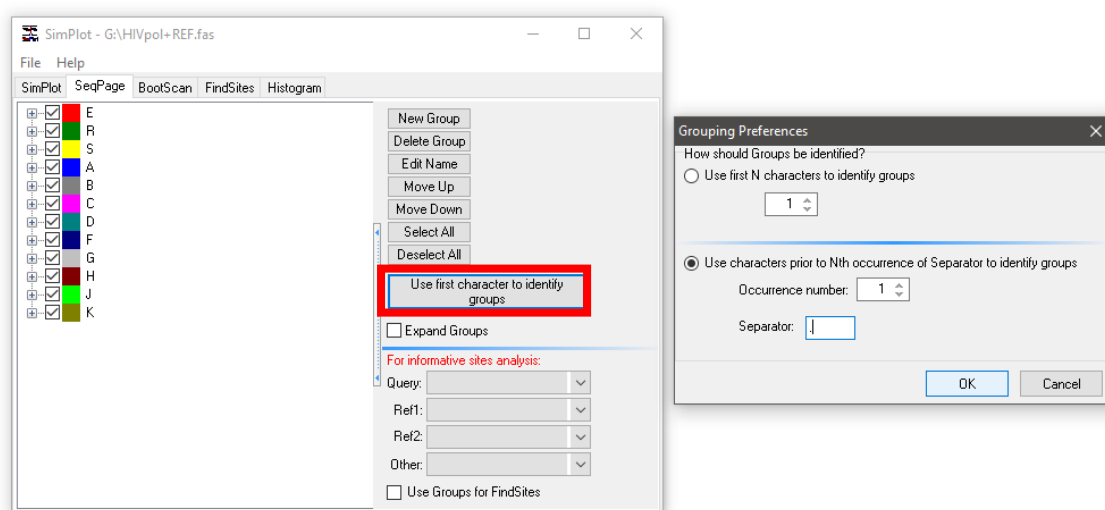
Tutorial: *Encontrando evidências de recombinação*

Edson Delatorre

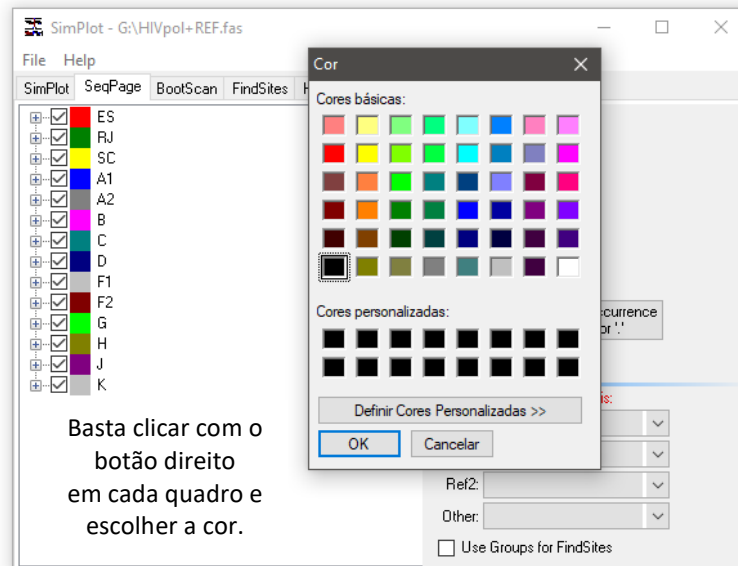
1. O programa Simplot consegue abrir uma grande variedade de formatos de arquivos de sequências, entretanto as sequências precisam estar alinhadas. Neste tutorial, iremos utilizar o arquivo fasta alinhado. Para abrir, basta clicar no menu **File > Open**:



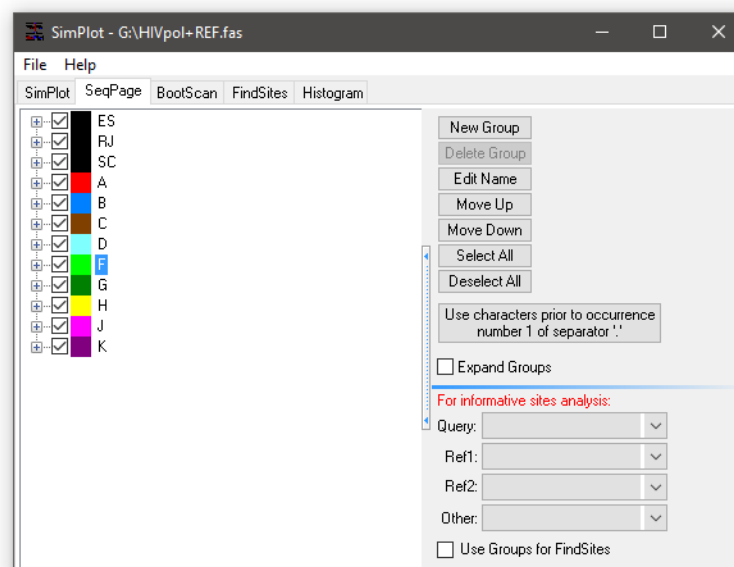
2. As sequências são divididas em grupos, estes podem ser reconfigurados de forma manual ou automática, clicando no botão “*Use first character to identify groups*”, informando qual o separador e ocorrência.



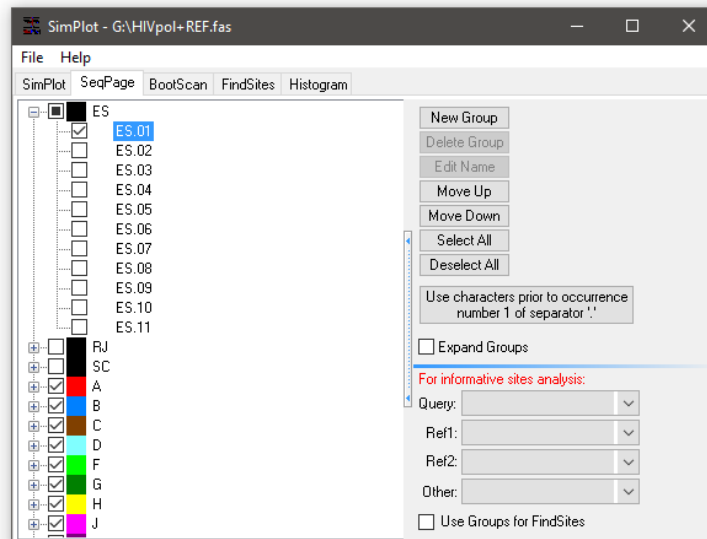
3. Nesta etapa, podemos rearranjar as sequências para simplificar os grupos gerados. Neste caso, temos dois subtipos com diferentes sublinhagens (A1/A2, F1/F2). Para simplificar, podemos juntar cada sublinhagem “arrastando” os representantes do grupo “2” para o grupo “1”, e depois excluindo o grupo “2” (Botão **Delete Group**). Uma vez que as sequências foram agrupadas corretamente (Separadas por estado e cada referências de subtipo: A-K), procedemos com a modificação das cores de cada grupo, elas serão as mesmas apresentadas durante a construção dos gráficos de similaridade e bootscan.



4. O ideal é escolher cores que possam ser facilmente diferenciadas. Como guia, pode-se utilizar o guia abaixo, além disso, pode-se renomear os grupos, clicando no botão **Edit Name**.



5. Para realizar o bootscanning, deve-se desmarcar todas as amostras, mantendo os grupos das sequências de referência, e posteriormente marcando sucessivamente cada uma das sequências das amostras:



6. Uma vez selecionada a amostra, procede-se análise do bootscanning. O tamanho da janela e dos passos podem ser configurados para melhor se adequar a quantidade de informação presente no alinhamento. Para proceder o bootscanning basta acessar menu **Commands > Query > Grupo que a amostra desejada pertence**.

