

## Práctica 5

### *Identificación de clados y linajes*

#### Objetivo

Utilizar herramientas existentes para identificación de clados/linajes a partir de lecturas de secuenciación.

#### Tareas

(0,5 puntos) Obtener la identificación de clados y linajes de tres secuencias de lecturas de SARS-CoV-2 (deben usar técnica de amplicones). Se puede utilizar un conjunto de lecturas de NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sars-cov-2/>). Posteriormente, se deben obtener las variantes (ivar), clado (nextclade, <https://clades.nextstrain.org/>) y linaje (pangolín, <https://pangolin.cog-uk.io/>).

Recursos de ayuda (información de mutaciones y linajes, ayuda para la traducción de posiciones aminoácidas a posiciones nucleóticas, etc.):

- <https://outbreak.info/> (ej: <https://outbreak.info/situation-reports?pango&mut=S%3AQ677P>)
- <https://covariants.org/> (ej: <https://covariants.org/variants/S.Q677>)

#### Entregables

Un informe en formato pdf con la descripción del trabajo realizado y los resultados obtenidos.

#### Fecha de entrega

Debe entregarse a través de la plataforma moodle antes de las 23:55 del 12 de mayo de 2022.