**Análisis de librerías y arboles filogenéticos**

Como verán el programa está conformado por 3 tipos de actividades principales:

* Establecimiento de conceptos y generalidades
* Discusión de artículos
* Ejercicios y proyecto de investigación

El curso de evaluara de la siguiente manera:

* 40% participación en la discusión de los artículos
  + la calificación de esta sección será proporcional al máximo de participaciones colectadas en las sesiones.
* 60% presentación de su poster
  + La calificación de esta sección de obtendrá así: (evaluación mía + evaluación de compañeros) / 2).

**Día 1. Linux y Generalidades de Filogenética.**

* + Generalidades del análisis filogenético.
  + Árbol de especies vs Árbol de genes.
  + Comandos básicos de Linux.
  + Planteamiento del Problema.
  + **Artículo:** “Baldauf-2003-Phylogeny-for-the-faint-of-heart”

Ejercicio: “Explorando y editando librerías” (inicio del proyecto)

**Día 2. “ortólogos? parálogos? xenólogos?”**

* + DNA vs proteína
  + Conceptos básicos de homología-ortología
  + Búsqueda de Ortólogos
  + **Artículos** “Fitch-2000-Homology"
    - * “Sonnhammer-etal-2002-Orthology”
      * “Altenhoff-etal-2016-Standarized-orthologs”

Ejercicio: BLAST bidireccional, pFAM y HMMER

**Día 3. Alineamiento múltiple de secuencias**

* + Matrices y Modelos de sustitución
  + **Artículos**  “btp348”
    - * “syv033”

Continuar con el proyecto

**Día 4. Análisis filogenético**

* + Métodos Estadísticos vs No estadísticos
  + Artículo: “Anisimova-etal-2011-Survey-branch-support-methods”

Continuar con el proyecto

Dia 5. **Fin de Curso**

* Presentación del proyecto (Cartel horizontal)