**CZ GEN EPI Modulo 1. Construir el Árbol**

Puede crear su propio árbol filogenético en CZ GEN EPI siguiendo los siguientes pasos.

**Paso 1:** Descargue los archivos fasta SARS-CoV-2 precomprobados (y con control de calidad aprobado) de este proyecto público CZ ID: «SARS-CoV-2 Samples CZB-APHL Training 2024».

* Inicie sesión en CZ ID y navegue hasta el proyecto.
* Haga clic en los genomas de consenso de alta calidad y haga clic en el icono de la nube para descargar.
* Haga clic en «Consensus Genome» y descargue el formato «Single File» (es posible que ya haya hecho esto para el paso de alineación).
* Aparecerá una ventana emergente azul en la esquina superior derecha de la pantalla con un enlace que le llevará a sus descargas. También puede acceder a su página de descargas haciendo clic en su nombre y seleccionando «Descargas».
* Una vez que los archivos hayan terminado de descargarse en la página de descargas (indicado por el texto verde «completo»), puede descargarlos haciendo clic en «Descargar archivos».
* Los archivos se descargarán a su ordenador como archivos fasta.

**Paso 2:** Suba los archivos fasta a su cuenta [CZ GEN EPI account](https://czgenepi.org/) utilizando el botón Upload en la esquina superior derecha.

* Inicie sesión en su cuenta CZ GEN EPI y haga clic en el botón púrpura Upload.
* Seleccione el archivo fasta concatenado que acaba de descargar y haga clic en «Continuar».
* Revise sus archivos y datos, marque las dos casillas en la parte inferior de su pantalla y luego haga clic en «Start Upload».

**Paso 3:** Una vez que sus muestras hayan terminado de cargarse, selecciónelas en la Tabla de Muestras.

**Paso 4:** Vaya al icono del árbol filogenético y cree un overview tree con los siguientes filtros

* Localización: North America/USA/Georgia
* Fecha de recogida: 2020-01-01 a 2020-12-01

**Paso 5:** Espere de 8 a 12 horas a que su árbol Nextstrain se complete en la pestaña «Phylogenetic Trees».

**CZ GEN EPI Module 2: Practice Interpreting Trees in Auspice**

Durante este ejercicio, practicará el uso del software de visualización Auspice para interpretar árboles Nextstrain preconstruidos. Para cada cuadrícula, haga clic en el enlace del árbol, superponga los metadatos asociados y responda a las preguntas.

Conceptos tratados:

* [CZ GEN EPI tree types](https://help.czgenepi.org/hc/en-us/articles/6707491998996-Understand-phylogenetic-tree-types)
* [Navigating Nextstrain builds](https://help.czgenepi.org/hc/en-us/articles/6691738376212-View-trees-in-Nextstrain)
* [Interpreting phylogenetic trees](https://help.czgenepi.org/hc/en-us/articles/9009239323156-Genomic-epi-basics-Practice-reading-phylogenetic-trees)

[Árbol #1](https://nextstrain.org/fetch/backend.czgenepi.org/v2/orgs/309/pathogens/SC2/auspice/access/eyJ0cmVlX2lkIjogMjcxMTc4LCAidXNlcl9pZCI6IDUxNywgImV4cGlyeSI6ICIyMDI0LTEwLTAzVDEyOjI1OjQ2LjM4MDA1MCswMDowMCJ9.6dee2210075978943086c53bc6f679cfbf332087a8cd6cc11dfabd4c2088dd24200249d712a0e9af3302323de9c6de6a99d8afc7c709fbc1f0e5fde169f1cabc): Brote escolar de SARS-CoV-2 en la provincia sudafricana, South Africa

En la parte izquierda, haga clic en el icono desplegable ‘Color By’ y elija ‘Selected’. Las muestras seleccionadas indican las recogidas en la investigación del brote escolar.

| Responder | ¿Qué característica de Auspice o CZ GEN EPI le ha ayudado a responder a esta pregunta? |
| --- | --- |
| ¿Podemos descartar cualquier vínculo epidemiológico con este brote escolar conocido? |  |
| ¿Ha terminado el brote? |  |
| ¿Podemos determinar la direccionalidad? |  |