Métodos en Filogenética y Evolución Molecular Semestre 2024-2

# Taller 1: Alineamiento y escogencia de modelos

**Objetivo:**

Este taller busca generar un flujo de trabajo reproducible y extensible para alinear secuencias y definir el mejor esquema de partición y sus modelos asociados.

# Entregables:

1. Un Markdown que incluya
   * Rutinas para alinear con al menos dos ajustes de parámetros.
   * Rutina con estimación de modelos utilizando Model Finder.
   * Rutina con estimación de modelos utilizando Partition Finder.
   * Rutina con estimación de modelos utilizando Mixture Models.
   * Explicación de que se está haciendo en cada rutina y de parámetros adicionales a tener en cuenta (pueden expandir la rutina).
2. Todos los archivos necesarios para hacerlo reproducible
3. Un documento de Word con una breve discusión de los resultados y la literatura citada.

La primera rutina la logran con mafft. También pueden probar de la misma forma (usando bash) otros algoritmos como clustal, muscle, etc.

El resto de rutinas las logran con IQtree ([http://www.iqtree.org/).](http://www.iqtree.org/)) Enfóquense solo en comparación y escogencia de modelos y particiones. No obtengan arboles.

Todos los entregables deben estar en un .zip nombrado con el apellido así: taller\_01\_Daza.zip

# Fecha límite:

Octubre 10 de 2024