**Nombre del proyecto**

Análisis computacional de efectores bacterianos y genes interactores de su planta hospedera: ¿Qué información se podrá dilucidar con estas herramientas de vanguardia?

**Descripción del proyecto en curso**

Se pretende, por medio de varias herramientas computacionales bioinformáticas, dilucidar y extraer información relevante, a partir de datos de expresión génica diferencial, obtenidos en un experimento doble híbrido entre un patógeno bacteriano (*Xanthomonas*) y una especie hospedera de planta (yuca: *Manihot esculenta*). Entre los análisis computacionales que se harán, se enunciarán varios a continuación. Cruce de bases de datos por medio de métodos de terminal, Excel y otras herramientas de manejo de bases de datos grandes, en orden de extraer información de variables relacionadas. Utilización de software de análisis de redes de interacción, como cytoscape. Realización de demonstraciones gráficas y análisis estadísticos en lenguaje de programación R, en orden de manejar matrices de datos extensas. Análisis de modelamiento proteico e interacciones moleculares por medio de muchas herramientas bioinformáticas. Todos estos medios requieren de alta capacidad de cómputo y son compatibles, con un eficaz funcionamiento, con el sistema operativo Windows.