

Curso de Evolución de Familias multigénicas 2020

Recursos informáticos

En preparación a la primera clase, que será por zoom el lunes 13 de abril a las 13 hs., le pedimos a todos los estudiantes:

EVA: matricularse en el curso **Evolución de familias multigénicas**. Usaremos el EVA para compartir materiales, intercambiar ideas a través de los foros, etc.

A lo largo del curso, enriqueceremos esta lista con recursos adicionales. Para empezar, cada estudiante **debe crear un usuario** en los siguientes sitios:

1. **RStudio cloud.** Vamos a usar R con la interfase RStudio, y lo haremos en la nube. Cada estudiante debe hacerse un usuario en <https://rstudio.cloud/>. Es gratuito y facilita tanto el uso individual como la capacidad de compartir scripts.

El propio RStudio Cloud tiene tutoriales, y hay muchos más en la web. Como complemento, ofrecemos los siguientes ejercicios:

- Un pequeño conjunto de 5 prácticos introductorios del curso de Bioestadística, generosamente compartidos por Gabriel Illanes, del Centro de Matemática de nuestra Facultad. Los ejercicios pueden hacerse copiando, pegando y modificando los comandos en la Consola de RStudio.
- Un práctico del curso general de Evolución en un archivo de Rmarkdown, para ver cómo se usan archivos de esa clase, cómo se pueden correr los bloques de código en la consola, y cómo se puede hacer una corrida y generar un archivo de salida (en nuestro caso, en html).

2. **CIPRES:** Un sitio para correr análisis filogenéticos y algunos otros en la nube. <https://www.phylo.org/>.

3. **NCBI:** Bases de datos de secuencias y numerosos recursos adicionales. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

4. **Ensembl:** Bases de datos genómicas. <https://www.ensembl.org/index.html>

5. **MEGAX:** En este caso, se trata de instalar, en tu propia computadora, el programa MEGAX: <https://megasoftware.net/>