



# FICHA TÉCNICA DEL CURSO

## Filogenética y Pangenómica

TC-BIO-07

<b>Código:</b>	FOR-EDU-005
<b>Tipo de documento:</b>	FORMATO
<b>Fecha de emisión:</b>	Enero 2026
<b>Versión:</b>	1.0
<b>Elaboró:</b>	Dirección General
<b>Revisó:</b>	Dirección General
<b>Aprobó:</b>	Dirección General

## INFORMACIÓN DEL FORMATO

Este formato se utiliza para documentar la ficha técnica completa de cada curso o taller impartido por BioSeryl, especificando la estructura curricular, contenidos, metodología, evaluación y requisitos, conforme a NTC-ISO 21001:2025, Cláusula 8.1 (Planificación operacional) y Cláusula 8.5 (Prestación del servicio educativo). Una copia de esta ficha debe existir para cada curso activo.

*Retención: Durante vigencia del curso + 2 años después de obsolescencia.*

## IDENTIFICACIÓN DEL PROGRAMA

<b>Código del curso:</b>	TC-BIO-07
<b>Nombre completo:</b>	Filogenética y Pangenómica
<b>Nombre corto (para marketing):</b>	Filogenética y Pangenómica
<b>Versión del currículo:</b>	1.0
<b>Fecha de creación:</b>	Enero 2026
<b>Última actualización:</b>	Enero 2026
<b>Próxima revisión:</b>	Enero 2027
<b>Estado:</b>	<input type="checkbox"/> En desarrollo <input checked="" type="checkbox"/> Activo

## CLASIFICACIÓN

<b>Línea de producto:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> BIOINFORMATICA
<b>Tipo de programa:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Curso especializado (40–80h)
<b>Nivel:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Intermedio (requiere fundamentos)
<b>Modalidad:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Sincrónico en vivo (videoconferencia)

## DURACIÓN Y ESTRUCTURA

<b>Duración total:</b>	40 horas
<b>Distribución:</b>	Teoría: 35 %      Práctica: 65 %
<b>Número de módulos:</b>	12
<b>Número de sesiones:</b>	12
<b>Duración por sesión:</b>	3 horas
<b>Frecuencia sugerida:</b>	2–3 veces/semana

## PÚBLICO OBJETIVO

<b>Perfil ideal:</b>	Investigadores en evolución molecular, epidemiología genómica, taxonomía bacteriana; bioinformáticos que construyen árboles filogenéticos y análisis pangenómicos
<b>Formación recomendada:</b>	Bioinformática, biología evolutiva, microbiología (mínimo pregrado)
<b>Prerrequisitos técnicos:</b>	Experiencia básica en bioinformática y línea de comandos Linux
<b>Prerrequisitos de software:</b>	Python + Anaconda/Miniconda, R + RStudio

<b>Cupo mínimo:</b>	5 participantes
<b>Cupo máximo:</b>	20 participantes

## DESCRIPCIÓN DEL PROGRAMA

**Descripción:**

Este curso especializado en filogenética y pangenómica aborda la construcción de árboles filogenéticos robustos y el análisis de pangenomas bacterianos para estudios de evolución molecular y epidemiología genómica. El participante aprenderá a construir alineamientos de secuencias múltiples de alta calidad, inferir filogenias por máxima verosimilitud y métodos bayesianos, estimar tiempos de divergencia con modelos de reloj molecular, analizar pangenomas con herramientas especializadas, e integrar resultados filogenéticos con tipificación molecular y detección de transferencia horizontal de genes. El programa utiliza datasets reales de brotes epidémicos y genomas bacterianos.

## RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Al finalizar este programa, el participante será capaz de:

No.	Resultado de aprendizaje
RA1	Construir alineamientos de secuencias múltiples de alta calidad con MAFFT/MUSCLE evaluando estrategias de partición.
RA2	Inferir filogenias robustas mediante máxima verosimilitud (IQ-TREE/RAxML-NG) con selección de modelos y soporte estadístico.
RA3	Estimar tiempos de divergencia y reconstruir filogeografía con BEAST2 aplicando modelos de reloj molecular apropiados.
RA4	Analizar pangenomas con Panaroo/PPanGGOLiN identificando genes accesorios y núcleo genómico.
RA5	Integrar resultados filogenéticos con tipificación molecular (MLST, cgMLST) y detección de transferencia horizontal.

**CONTENIDO MODULAR**

Módulo	Título	Horas	Temas principales	RA
1	Fundamentos de filogenética molecular	3	Homología, ortología, modelos de evolución, reloj molecular	RA1
2	Alineamiento múltiple de secuencias	3	MAFFT, Muscle5, Clustal Omega, trimming (trimAl, Gblocks)	RA2
3	Selección de modelos evolutivos	3	ModelTest-NG, jModelTest, IQ-TREE ModelFinder, criterios AIC/BIC	RA2
4	Máxima verosimilitud con IQ-TREE	4	IQ-TREE2, búsqueda de árbol, ultrafast bootstrap, SH-aLRT	RA3
5	Inferencia bayesiana con MrBayes	4	MrBayes, BEAST2, MCMC, convergencia, ESS, burn-in	RA3
6	Árboles de especies y coalescencia	3	ASTRAL, SVDquartets, gene trees vs species trees, ILS	RA3
7	Introducción a pangenómica	3	Core vs accessory genome, pan-genoma abierto/cerrado, ortólogos	RA4
8	Análisis pangenómico con Panaroo	4	Panaroo, Roary, cálculo de pan-genoma, presencia/ausencia de genes	RA4
9	Anotación de pan-genoma	3	COG, KEGG, eggNOG, enriquecimiento de core/accessory	RA4
10	Filogenómica y SNPs	4	SNPs, kSNP3, Gubbins, recombinación, árbol filogenómico	RA5
11	Visualización de resultados	3	ggtree, iTOL, interactive tree exploration, anotaciones	RA5
12	Publicación y estándares	3	Depósito de alineamientos/árboles, TreeBase, datos suplementarios	RA5
<b>Total</b>		<b>40</b>		

## METODOLOGÍA

### Enfoque pedagógico

- Aprendizaje activo con ejercicios prácticos
- Estudio de casos reales

### Descripción metodológica

Práctico con datasets reales de brotes epidémicos y genomas bacterianos. Evaluación Diagnóstica (FOR-EDU-006): Cuestionario inicial aplicado en la primera sesión para identificar conocimientos previos y ajustar profundidad de contenidos. Evaluación Formativa: Retroalimentación continua durante cada sesión mediante revisión de ejercicios prácticos, monitoreo de comprensión y resolución de dudas en tiempo real. Evaluación Sumativa (FOR-EDU-007): Proyecto final integrador con calificación mínima de 4.0/5.0 para aprobación.

## EVALUACIÓN

### Instrumentos de evaluación

Instrumento	Peso ( %)	Descripción
Ejercicios durante sesiones	40 %	Ejercicios prácticos por módulo
Proyecto final/integrador	50 %	Pipeline/proyecto integrador con reporte
Participación activa	10 %	Asistencia y participación en sesiones
<b>Total</b>	<b>100 %</b>	

### Criterios de aprobación

<b>Modalidad de aprobación:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Ambos
<b>Criterio:</b>	Calificación mínima: 4.0/5.0    Asistencia mínima: 80 %
<b>Certificado otorgado:</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Digital

## MATERIALES Y RECURSOS

Tipo	Descripción
Scripts de código	Scripts completos del pipeline (Bash/R)
Lecturas complementarias	Dataset de genomas bacterianos (30+ cepas)
Lecturas complementarias	Guía de interpretación de árboles
Lecturas complementarias	Plantillas de visualización



Tipo	Descripción
Lecturas complementarias	Tutorial iTOL y ggtree

## BIBLIOGRAFÍA DE REFERENCIA

No.	Referencia bibliográfica
1	<b>Lemey, P., Salemi, M. &amp; Vandamme, A.-M.</b> (eds.) (2009). <i>The Phylogenetic Handbook</i> . 2nd ed. Cambridge University Press. ISBN: 978-0-521-87710-7
2	<b>Hall, B.G.</b> (2018). <i>Phylogenetic Trees Made Easy</i> . 5th ed. Oxford University Press. ISBN: 978-1-60535-922-8
3	<b>Drummond, A.J. &amp; Bouckaert, R.R.</b> (2015). <i>Bayesian Evolutionary Analysis with BEAST</i> . Cambridge University Press. ISBN: 978-1-107-01867-4

**INSTRUCTOR(ES) ASIGNADO(S)**

Nombre	FOR-EDU-004

**CONTENIDO PROGRAMÁTICO**
**Módulo 1 — Introducción a filogenética (3 horas)**

Unidad	Contenido
1.1	Conceptos fundamentales: filogenia, árboles, topología
1.2	Homología, ortología y paralogía
1.3	Tipos de árboles: enraizados vs no enraizados
1.4	Métodos de reconstrucción filogenética

**Módulo 2 — Alineamiento múltiple de secuencias (3 horas)**

Unidad	Contenido
2.1	MAFFT: alineamiento rápido y preciso
2.2	MUSCLE5: alineamiento escalable
2.3	TrimAl: limpieza de alineamientos
2.4	Evaluación de calidad del alineamiento

**Módulo 3 — Modelos de evolución (3 horas)**

Unidad	Contenido
3.1	Modelos de sustitución: JC69, K80, HKY, GTR
3.2	Selección de modelos con ModelTest-NG
3.3	Heterogeneidad entre sitios
3.4	Tasas de evolución y reloj molecular

**Módulo 4 — Máxima verosimilitud (4 horas)**

Unidad	Contenido
4.1	IQ-TREE2: búsqueda de árbol ML
4.2	Bootstrap: evaluación de soporte
4.3	RAxML-NG: ML para grandes datasets
4.4	Interpretación de soportes de nodos



### Módulo 5 — Inferencia bayesiana (4 horas)

Unidad	Contenido
5.1	MrBayes: MCMC en filogenética
5.2	BEAST2: datación molecular
5.3	Convergencia y ESS
5.4	ML vs Bayes: cuándo usar cada uno

### Módulo 6 — Árboles de genes (3 horas)

Unidad	Contenido
6.1	Árboles de genes vs especies
6.2	Concatenación vs coalescencia
6.3	ASTRAL: estimación de especies
6.4	Visualización de discordancia

### Módulo 7 — Introducción a pan-genómica (3 horas)

Unidad	Contenido
7.1	Genoma accesorio, core y pan-genoma
7.2	Pan-genoma abierto vs cerrado
7.3	Aplicaciones epidemiológicas
7.4	Herramientas pan-genómicas

### Módulo 8 — Pan-genoma con Panaroo/Roary (4 horas)

Unidad	Contenido
8.1	Roary: pan-genoma rápido
8.2	Panaroo: pan-genoma corregido
8.3	Matriz gen-presencia-ausencia
8.4	Visualización de pan-genoma

### Módulo 9 — Core-genoma y filogenómica (4 horas)

Unidad	Contenido
9.1	Core-genoma MLST
9.2	SNPs del core-genoma
9.3	Árbol filogenómico de SNPs



Unidad	Contenido
9.4	Comparación filogenética

### Módulo 10 — Epidemiología genómica (4 horas)

Unidad	Contenido
10.1	Vigilancia genómica de patógenos
10.2	Árboles filogenéticos para brotes
10.3	Transmisión y mutaciones
10.4	Reportes epidemiológicos

### Módulo 11 — Visualización de árboles (3 horas)

Unidad	Contenido
11.1	iTOL: visualización y anotación
11.2	ggtree: árboles en R
11.3	FigTree: exploración interactiva
11.4	Publicación de figuras

### Módulo 12 — Proyecto integrador (3 horas)

Unidad	Contenido
12.1	Diseño de estudio filogenómico
12.2	Pipeline de pan-genoma + árbol
12.3	Análisis epidemiológico
12.4	Presentación de resultados

## CONTROL DE VERSIONES DEL CURRÍCULO

Versión	Fecha	Cambios realizados	Autor
1.0	Enero 2026	Versión inicial	Dirección General

## APROBACIÓN

<b>Diseño:</b>  Nombre: _____ Cargo: Director Departamento de Bioinformática Fecha: Enero 2026	<b>Revisó:</b>  Nombre: _____ Cargo: Dirección General Fecha: Enero 2026	<b>Aprobó:</b>  Nombre: _____ Cargo: Dirección General Fecha: Enero 2026
--	--	--



---

Documento controlado. FOR-EDU-005 v1.0 – TC-BIO-07 – Referenciado en PR-EDU-001, conforme a NTC-ISO 21001:2025 Cláusulas 8.1 y 8.5



## CONTROL DE CAMBIOS

<b>Versión</b>	<b>Fecha</b>	<b>Descripción del Cambio</b>	<b>Autor</b>
1.0	Enero 2026	Emisión inicial del formato	Dirección General