



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA
LICENCIATURA EN ECOLOGÍA
Sistema Escolarizado: Modalidad Presencial
Programa de estudios de la asignatura



Sistemática Filogenética. Curso Avanzado

| | | | | | | |
|------------------|---|-----------------------|------------------------------|------------------------------|------------------|----|
| Clave | Semestre 8 | Créditos 8 | Duración | 16 semanas | | |
| | | | Campo de conocimiento | Biología | | |
| | | | Etapa | Terminal | | |
| Modalidad | Curso () Taller () Lab () Sem (x) | | Tipo | T () P () T/P (x) | | |
| Carácter | Obligatorio () | Optativo (x) | Horas | | | |
| | | | Semana | | Semestre | |
| | | | Teóricas | 2 | Teóricas | 32 |
| | | | Prácticas | 4 | Prácticas | 64 |
| | | | Total | 6 | Total | 96 |

Seriación

Ninguna (x)

Obligatoria ()

| | |
|-------------------------------|--|
| Asignatura antecedente | |
| Asignatura subsecuente | |
| Indicativa () | |
| Asignatura antecedente | |
| Asignatura subsecuente | |

Objetivo general:

Revisar la teoría y los métodos avanzados para realizar análisis de sistemática filogenética molecular.

Objetivos específicos:

1. Revisar el conocimiento teórico para realizar estudios en las áreas de la sistemática filogenética molecular.
2. Comparar los métodos para la reconstrucción filogenética con datos moleculares.

3. Reconocer la importancia de la sistemática filogenética como herramienta para análisis de la evolución de grupos biológicos y sus aplicaciones.

| Índice temático | | | |
|---------------------------|--|-----------------------|------------------|
| | Tema | Horas Semestre | |
| | | Teóricas | Prácticas |
| 1 | Introducción | 2 | 0 |
| 2 | Datos moleculares | 2 | 0 |
| 3 | Alineación de secuencias y bases de datos | 2 | 6 |
| 4 | Modelos de evolución molecular | 2 | 6 |
| 5 | Estimadores estadísticos de confianza en la inferencia filogenética | 2 | 6 |
| 6 | Inferencia filogenética basada en el criterio de máxima verosimilitud | 4 | 6 |
| 7 | Inferencia filogenética basada en análisis Bayesiano | 4 | 8 |
| 8 | Relojes moleculares | 4 | 8 |
| 9 | Métodos comparativos | 4 | 8 |
| 10 | Otros métodos y sus aplicaciones | 2 | 8 |
| 11 | Filogenómica: análisis de genomas para la reconstrucción filogenética | 4 | 8 |
| Subtotal | | 32 | 64 |
| Total | | 96 | |
| Contenido Temático | | | |
| Tema | Subtemas | | |
| 1 | Introducción 1.1 Principios de sistemática filogenética. 1.2 Criterios de optimización: Parsimonia. 1.3 Métodos filogenéticos: búsquedas de árboles, homoplasia. 1.4 Análisis de caracteres: ordenamiento, polaridad, rooting, independencia de caracteres, peso, homología. | | |
| 2 | Datos moleculares 2.1 La estructura y composición de DNA, RNA y proteínas. 2.2 La estructura de los genomas. 2.3 Mutación. 2.4 Variación en poblaciones. 2.5 Variación entre especies. 2.6 Tipos de datos. | | |
| 3 | Alineación de secuencias y bases de datos 3.1 Alineación pairwise. | | |

| | |
|-----------------------------------|---|
| | <p>3.2 Alineación de secuencias múltiple.</p> <p>3.2.1 Weighted sums.</p> <p>3.2.2 Alineación progresiva.</p> <p>3.2.3 Alineación iterativa.</p> <p>3.2.4 Algoritmos genéticos.</p> <p>3.3 Bases de datos públicos.</p> <p>3.3.1 GenBank, EMBL y DDBJ.</p> <p>3.3.2 BLAST.</p> |
| 4 | <p>Modelos de evolución molecular</p> <p>4.1 Modelos de evolución de DNA.</p> <p>4.2 Modelos de evolución de proteínas.</p> |
| 5 | <p>Estimadores estadísticos de confianza en la inferencia filogenética</p> <p>5.1 Error aleatorio.</p> <p>5.2 Error sistemático.</p> <p>5.3 Congruencia.</p> <p>5.4 Combinabilidad.</p> <p>5.5 Bootstrap, Jackknife y otras medidas de apoyo.</p> |
| 6 | <p>Inferencia filogenética basada en el criterio de máxima verosimilitud</p> <p>6.1 Principios y diferencia con parsimonia.</p> <p>6.2 Verosimilitud como logaritmo natural.</p> <p>6.3 Cálculo de la verosimilitud de un árbol.</p> <p>6.4 Método exhaustivo y algoritmo de “poda.”</p> <p>6.5 Encontrar al árbol de máxima verosimilitud.</p> |
| 7 | <p>Inferencia filogenética basada en análisis Bayesiano</p> <p>7.1 Teorema de Bayes.</p> <p>7.2 Métodos Bayesianos para filogenias.</p> <p>7.3 Relación con máxima verosimilitud.</p> <p>7.4 Probabilidades previas y posteriores cadenas de Markov.</p> <p>7.5 Modelos particionados.</p> |
| 8 | <p>Relojes moleculares</p> <p>8.1 Constancia de tasas de sustitución.</p> <p>8.2 Árboles linearizados.</p> <p>8.3 Relojes locales.</p> <p>8.4 Relojes relajados.</p> <p>8.5 Autocorrelación de tasas de sustitución.</p> |
| 9 | <p>Métodos comparativos</p> <p>9.1 Estimación de estados ancestrales.</p> <p>9.2 Evolución correlacionada de caracteres.</p> <p>9.3 Frecuencia y dirección de la evolución de caracteres.</p> |
| 10 | <p>Otros métodos y sus aplicaciones.</p> <p>10.1 Métodos para el estudio de biogeografía.</p> <p>10.2 Métodos de estudio de asociaciones.</p> <p>10.3 Métodos de estudio de duplicación y pérdida de genes.</p> |
| 11 | <p>Filogenómica: análisis de genomas para la reconstrucción filogenética</p> <p>11.1 Principios.</p> <p>11.2 Aplicaciones.</p> <p>11.3 Perspectivas.</p> |
| Estrategias didácticas | |
| Evaluación del aprendizaje | |

| | | | |
|--|---|---|-------|
| Exposición | (x) | Exámenes parciales | (x) |
| Trabajo en equipo | (x) | Examen final | (x) |
| Lecturas | (x) | Trabajos y tareas | (x) |
| Trabajo de investigación | (x) | Presentación de tema | (x) |
| Prácticas (taller o laboratorio) | () | Participación en clase | () |
| Prácticas de campo | () | Asistencia | () |
| Aprendizaje por proyectos | (x) | Rúbricas | () |
| Aprendizaje basado en problemas | (x) | Portafolios | (x) |
| Casos de enseñanza | () | Listas de cotejo | () |
| Otras (especificar) | | Otras (especificar) Reporte de investigación | (x) |
| Perfil profesiográfico | | | |
| Título o grado | Profesionistas con formación en Biología, Biología Molecular o Ecología. | | |
| Experiencia docente | Docentes con experiencia e investigación y docencia en Sistemática Filogenética. Experiencia docente de al menos dos años en nivel licenciatura y/o posgrado. | | |
| Otra característica | De preferencia con estudios de posgrado. | | |
| Bibliografía básica | | | |
| DeSalle, R. & Rosenfeld, J.A. (2012). Phylogenomics: a primer. Garland Science, Taylor & Francis Inc. | | | |
| Felsenstein, J. (2004). Inferring phylogenies. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. | | | |
| Hall, B.C. (2008). Phylogenetic Trees Made Easy: A How-to Manual. Third edition, Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. | | | |
| Hamilton, A. (2014). The evolution of phylogenetic systematics. University of California Press, Berkeley, USA. | | | |
| Wiley, E.O. & Lieberman, B.S. (2011). Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematic. Second edition, Wiley-Blackell, New Jersey. | | | |
| Bibliografía complementaria | | | |
| Avice, J.C. (2000). Phylogeography. The history and formation of species. Harvard University Press. Cambridge. | | | |
| Hillis, D. M., Moritz, C. & Mable, B. K. (1996). Molecular systematics. (2a ed). Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts. | | | |