

Denominación del curso: **Análisis filogenético con datos moleculares**

Año académico: **2026**

Docentes: **Dra. Romina Vidal Russell y Dr. Guillermo Amico**

Docente/s auxiliar/es Ayudante alumna Lic. CANDELA VICTOREL

Curriculum Vitae de docente/s a cargo y auxiliar/es

Modalidad 3 Presencialidad combinada:

Fecha de dictado: del 20 al 30 de abril. De 8:30 a 13:00 hs.

Destinatarios: alumnos de doctorado

Fundamentación del curso

La reconstrucción filogenética permite generar una hipótesis de como los distintos taxones están relacionados evolutivamente. Por medio de esta hipótesis se pueden inferir varios aspectos evolutivos como la reconstrucción de caracteres morfológicos ancestrales, plantear hipótesis sobre distribuciones ancestrales y procesos de especiación entre otros. La obtención de datos moleculares es accesible, ya sea generándolos o obteniéndolos de bases de datos de acceso libre, que hace que estas hipótesis filogenéticas sean ampliamente utilizadas. Conocer como reconstruir filogenias y saber interpretar los resultados brinda una herramienta fundamental para muchas disciplinas dentro de la biología, como la ecología, sistemática, taxonomía, biogeografía entre otras.

Objetivos

El objetivo es que el estudiante sepa analizar una base de datos de secuencias de ADN con distintos métodos de reconstrucción filogenética. También que el estudiante sepa interpretar los resultados y presentar estos resultados en forma gráfica y escrita. Al finalizar el curso el estudiante va a estar capacitado para manejar distintos programas de análisis filogenético y va a poder interpretar las filogenias producidas, como las publicadas, para responder objetivos específicos de su investigación.

Programa Analítico

- 1) Alineamiento de secuencias: asignación de homologías, métodos manuales (ej: Aliview) y automáticos (ejemplo: Muscle, Mafft). Base de datos Genbank. Código de barras genético (iBOL)
- 2) Codificación de indels: criterios para considerar indels homólogos, cuándo codificarlos y cuando no, y como se tratan en los análisis. Formatos de archivos (nexus, fasta, phylip), scripts.
- 3) Grupo externo: criterios para seleccionar un grupo externo en el análisis. Importancia de esta elección. Conceptos básicos: apomorfía, homoplasia, plesiomorfía, sinapomorfía, clado.

- 4) Identificación de haplotipos: definición de haplotipo. Utilización de programas de búsqueda de distintos haplotipos y sus frecuencias.
- 5) Distancias genéticas: cálculo de distancias genéticas. Distintos modelos de evolución de secuencias de ADN y las diferencias entre ellos, como elegir un modelo de evolución de secuencia. Cálculo de distancias genéticas en R Project.
- 6) Métodos de reconstrucción filogenética: distancia, parsimonia, máxima verosimilitud, Bayesiano. Valores de soporte y probabilidad a posterior. Diferencias entre filogenia de los genes y de las especies. Explorar distintos métodos y programas: Neighbor Joining (MEGA, R Project), parsimonia (TNT), likelihood (PHYML, RAxML), Bayesiano (MrBayes, Beast), cálculo de señal filogenética (R Project).
- 7) Introducción a portales de servicio para análisis: por ejemplo CIPRES y Montpellier.
- 8) Presentación de los resultados: como mostrar un árbol filogenético, árboles de consenso (estricto o de mayoría), programas para prepararlo para su publicación (Figtree), interpretar el árbol.

Actividad Práctica / Salida de campo

Durante el curso se desarrollarán trabajos prácticos individuales sobre: obtención de secuencias de Genbank; alineación; búsqueda de haplotipos; distancias genéticas; selección del modelo evolutivo; obtención de árboles filogenéticos mediante los criterios de máxima parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana; interpretación y presentación de resultados gráficos y revisión de trabajos publicados sobre la temática

Evaluación y acreditación

La evaluación se hará mediante un informe individual. En este informe se aplicarán los conceptos aprendidos durante el curso. Constará de un alineamiento de secuencias de ADN y la elaboración de un árbol filogenético con su interpretación. El estudiante deberá presentar su informe oralmente contando a la clase la metodología empleada y los resultados obtenidos.

Bibliografía básica

- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts.
- Giribet, G. (2005) "TNT: Tree Analysis Using New Technology", Version 1.0, Beta test v. 0.2. Program and documentation available at <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/>.
- Pablo A. Goloboff, James S. Farris, and Kevin Nixon. *Systematic Biology* 54(1): 176-178.
- Goloboff, P. A. 1998. *Principios Básicos de Cladística*. Buenos Aires. Sociedad Argentina de Botánica. 81 pp.
- Graur, D. & Li, W. H. 2000. *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates, Sunderland, MA
- Hall, B. G. 2001. *Phylogenetic Trees Made Easy. A How-To Manual for Molecular Biologists*. Sinauer Associates, Inc. Publ., Sunderland, Massachusetts, U.S.A. 179 pp.
- Higgins, D. G. & Sharp, P. M. 1988. Clustal: A package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene* 73: 237-244.
- Hillis, D. M., Moritz, C. & Mable, B. (Eds.) 1996. *Molecular Systematics*. Second Edition.

Sinauer Associates, Inc. Publ. Sunderland Massachusetts, USA. 655 pp.

Hovenkamp, P. 2004. Review of: T.N.T.—Tree Analysis Using New Technology. Version 1.0, by P. Goloboff, J. S. Farris and K. Nixon. Available from the authors and from <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny>. Cladistics 20: 378–383.

Katinas, L., Crisci, J.V & Posadas, P. 2003. Historical Biogeography: an introduction. Harvard University Press, Cambridge, Mass. 250 pp.

Mau, B., Newton, M. & Larget, B. 1999. Bayesian phylogenetic inference via Markov chain Monte Carlo methods. Biometrics 55: 1-12.

Nixon, K.C. & Carpenter, J.M. 1993. On outgroups. Cladistics 9: 413-426

Page R.D.M. (Ed.) (2002) Tangled Trees: Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution. University of Chicago Press, Chicago.

Page, R. D. M. & Charleston, M. A. (1998). Trees within trees: Phylogeny and historical associations. Trends in Ecology and Evolution, 13:356-359.

Otros recursos

Cupo mínimo 5

Cupo máximo 20

Presentación breve para difusión

El curso “Análisis filogenético con datos moleculares” abarca los siguientes temas: Alineamiento de secuencias y codificación de indels. conceptos básicos utilizados en filogenia: apomorfía, homoplasia, plesiomorfía, sinapomorfía, clado. Distancias genéticas, modelos de evolución molecular. Identificación de haplotipos: definición de haplotipos, frecuencias de haplotipos. Métodos de reconstrucción filogenética: distancia, parsimonia, máxima verosimilitud, Bayesiano. Diferencias entre filogenia de los genes y de especies. Introducción a portales de servicio para análisis y análisis en R project. Presentación de los resultados en forma gráfica y escrita.

Apoyo técnico requerido para el dictado del curso

Soporte (pedco)

Presupuesto

Carga horaria: **50 hs**

Tabla con la distribución de los temas, modalidad de cursado y carga horaria

día	tema	Modalidad presencial física	Modalidad presencial virtual (sincrónica)	Modalidad a distancia (asincrónica)
1	Alineamiento de secuencias	2 h	2 h	2 h
2	Grupo externo	2 h	2 h	2 h
3	Distancia genética	2 h	2 h	2 h
4	Selección de modelos de evolución molecular	2 h	2 h	2 h
5	Parsimonia	2,5 h	2,5 h	2,5 h
6	máxima verosimilitud	2,5 h	2,5 h	2,5 h
7	Bayesiano	2,5 h	2,5 h	2,5 h
8	Edición de arboles e introducción a portales de servicio para análisis	2 h	2 h	3 h
9	Discusión de proyectos individuales	4 h	4 h	

Metodología de enseñanza y aprendizaje

La modalidad presencial y la virtual sincrónica son equivalentes: el estudiantado podrá asistir de manera presencial a las instalaciones de la universidad o conectarse sincrónicamente vía PEDCO. Las clases presenciales se adaptan a la modalidad híbrida, atendiendo tanto las necesidades de estudiantes en las dos modalidades. Las clases estarán destinadas al desarrollo teórico, al repaso de la clase previa y a la introducción de los trabajos prácticos. La cantidad de estudiantes que participen en forma presencial o virtual sincrónica no está establecida y no es un limitante para el dictado del curso. El cambio de modalidad en la cursada de presencial a virtual sólo se permitirá en días particulares asociados a inclemencias climáticas.

Las clases serán aproximadamente 30 minutos de repaso y evacuación de dudas de la clase anterior, seguidos por 1 hora y media de desarrollo de contenidos teóricos nuevos. Finalizado el teórico, se realizará un recreo de 15 minutos y luego una introducción al trabajo práctico de 30 minutos.

Los trabajos prácticos se desarrollarán de manera virtual y a distancia, con una duración aproximada de dos horas a dos horas y media. Durante este tiempo los docentes permanecerán conectados en una sala virtual para responder las preguntas que surjan en los trabajos prácticos. Además, habrá un foro de consulta permanente, en el que los docentes atenderán de forma individual las dudas que surjan. Además, se fomentará que los estudiantes respondan las consultas de sus compañeros, siempre bajo la supervisión del equipo docente.



DEPARTAMENTO DE POSTGRADO

Universidad Nacional del Comahue
Centro Regional Universitario Bariloche

Quintral 1250 

Tel: 0294 – 4423374 / 4428505- Interno 298 

deptopostgradocrub@gmail.com 

El trabajo autónomo se realizará fuera de las cuatro horas de cursada previstas e incluirá la lectura de trabajos y bibliografía proporcionada en la PEDCO, el repaso de los contenidos teóricos y la preparación de la presentación del trabajo final.

El curso se dictará a través de la plataforma PEDCO, donde las clases sincrónicas serán grabadas y quedarán disponibles para su consulta posterior. Asimismo, en dicha plataforma se publicarán los materiales de las clases en formato PDF y los trabajos prácticos a realizar. El foro de consultas y discusión también funcionará a través de PEDCO. Además, habrá una hoja de ruta de las teóricas y trabajos prácticos para facilitar el seguimiento de las tareas a realizar por parte de los estudiantes cada día.