

## PROGRAMAS DE CURSOS Y ASIGNATURAS

**TÍTULO DEL CURSO: Análisis filogenético con datos moleculares**

**AÑO ACADÉMICO: 2024**

**CARRERA: Doctorado en Biología - Plan de Estudios Ord. N° 556/86, Modif. 557/10 y 807/17**

**FECHA DE DICTADO: desde: 3/06/2024 - hasta: 14/06/2024**

**DOCENTE/S RESPONSABLE/S: Romina Vidal Russell - Guillermo Amico**

**DOCENTE/S COLABORADORES/S:**

**CARGA HORARIA TOTAL: 50**

**FUNDAMENTACIÓN:** 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.

**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.

**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.

**ACTIVIDAD PRÁCTICA:** Durante el curso se desarrollarán trabajos prácticos individuales sobre: obtención 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 CONDICIONES DE 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.

**MODALIDAD DE DICTADO: PRESENCIALIDAD COMBINADA:** se desarrolla al mismo tiempo de manera combinada en edificios, instalaciones y entornos virtuales institucionales.

- Estrategias pedagógicas: Se darán clases teóricas para introducción de los temas y a continuación trabajos prácticos sobre la temática presentada. Se hará discusión de publicaciones científicas que contengan filogenias en revistas relevantes y recientes, enfocándose en las diferentes metodologías empleadas.
- Carga horaria y actividades destinadas a las diferentes modalidades: 50
- Interacciones docente-estudiantes y estudiantes-estudiantes previstas: Clases prácticas en simultáneo con consulta a demanda por parte de los estudiantes durante la clase. Además, se habilitará un foro en la plataforma virtual donde los estudiantes podrán realizar consultas tanto de temas teóricos como de la parte práctica. Este foro será supervisado por los docentes, pero se estimulará la interacción entre los alumnos
- Mecanismos de seguimiento, supervisión y evaluación de las actividades: Al finalizar cada jornada se consultará las dificultades encontradas por los alumnos o dudas del contenido teórico antes de avanzar al siguiente tema. Se hará un seguimiento de las actividades que realiza cada estudiante día a día.

**BIBLIOGRAFÍA:** 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.

