



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA
LICENCIATURA EN ECOLOGÍA
Programa de la asignatura



Programa

Sistemática Filogenética. Curso Avanzado

Clave	Semestre 8°	Créditos 8	Duración	16 semanas	
			Campo de conocimiento	Biología	
			Etapas	Terminal	
Modalidad	Curso () Taller () Lab () Sem (x)			Tipo	T () P () T/P (x)
Carácter	Obligatorio () Optativo (x)		Horas		
			Semana		Semestre / Año
			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 / Año	
		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		

	<p>3.1 Alineación pairwise.</p> <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)	(x)
		Reporte de investigación	
Perfil profesiográfico			
Título o grado	Profesionistas con formación en Biología, Biología Molecular o Ecología.		
Experiencia docente	Experiencia en investigación y docencia en Sistemática Filogenética. Experiencia docente de al menos dos años en licenciatura y/o posgrado.		
Otra característica	De preferencia con estudios de posgrado.		
Bibliografía básica			
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.			
Wiley, E.O. & Lieberman, B.S. (2011). Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematic. Second edition, Wiley-Blackell, New Jersey.			
DeSalle, R. & Rosenfeld, J.A. (2012). Phylogenomics: a primer. Garland Science, Taylor & Francis Inc.			
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.			