

## TÓPICO SELECTO: FILOGENÉTICA MOLECULAR

Imparte: Dr. Gerardo Hernández Vera  
Octubre 2018

### PRESENTACIÓN DEL CURSO

El curso está dirigido a investigadores, docentes y estudiantes de posgrado interesados en conocer y aplicar métodos bioinformáticos para el análisis de datos de secuencias de ADN, con énfasis en métodos de inferencia filogenética.

### OBJETIVO GENERAL

Que el alumno conozca y aplique distintos métodos de inferencia filogenética molecular en estudios de ecología evolutiva, sistemática, biogeografía e historia evolutiva de organismos.

### OBJETIVOS PARTICULARES

- Obtener conocimientos teórico-prácticos para el uso eficaz de repositorios y bases de datos de secuencias de ADN.
- Obtener conocimientos teórico-prácticos para entender y aplicar métodos de máxima verosimilitud y Bayesianos de inferencia filogenética molecular.

### PERFIL DE EGRESO

- El alumno entenderá los conceptos teóricos básicos relacionados con el análisis de datos de secuencias de ácidos nucleicos para inferencia filogenética.
- Conocerá ventajas y desventajas de los distintos métodos en filogenética molecular y tendrá la capacidad de aplicarlos pertinentemente.

### COMPETENCIAS PROFESIONALES

El alumno tendrá capacidad para:

- Obtener secuencias de ADN de repositorios y bases de datos.
- Aplicar distintos algoritmos para el alineamiento de secuencias de ADN.
- Aplicar pertinentemente distintos métodos de filogenética molecular en sus proyectos de investigación.
- Entender e interpretar la metodología y resultados de publicaciones científicas que emplean métodos en filogenética molecular.

### METODOLOGÍA DEL CURSO (modalidad del proceso enseñanza–aprendizaje)

El curso es teórico-práctico. La teoría se cubre en horas clase, incluyendo exposiciones por el profesor, exposiciones por los alumnos y complementada por lecturas formales extra-clase. La parte práctica incluye el conocimiento y uso de diferentes programas de

cómputo especializado y el acceso a bases de datos de secuencias de ADN.

## PREREQUISITOS

Conocimientos básicos de genética molecular. Buena disposición para el uso de programas informáticos basados en línea de comando.

## CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Exámenes	70 %
Proyecto de Investigación final	20 %
Participación en clase	10 %
TOTAL	100 %

## CONTENIDO TEMÁTICO

### Unidad 1. **Introducción**

Terminología y conceptos  
Bases de datos de secuencias de ácidos nucleicos  
Alineamiento de secuencias múltiple

### Unidad 2. **Evolución molecular**

Fuentes de variación genética  
Modelos evolutivos en ácidos nucleicos  
Selección de modelos evolutivos

### Unidad 3. **Métodos de reconstrucción filogenética**

Métodos basados en distancias genéticas  
Métodos basados en estados de caracteres discretos

### Unidad 4. **Reloj molecular**

Reloj molecular  
Estimación de tiempos de divergencia

## BIBLIOGRAFÍA

Baldauf, S. L. 2003. Phylogeny for the faint of heart: a tutorial. Trends in Genetics 19:345-351.

Hillis, D.M., Moritz, C. and Mable, B.K. (Eds.). 1996. Molecular systematics. Second edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, U.S.A.

- Holder, M., Lewis, P.O., 2003. Phylogeny estimation: Traditional and Bayesian approaches. *Nature Reviews Genetics* 4, 275-284.
- Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., Nielsen, R., Bollback, J.P., 2001. Bayesian Inference of Phylogeny and Its Impact on Evolutionary Biology. *Science* 294, 2310.
- Kumar, S. Molecular clocks: Four decades of evolution. 2005. *Nature Reviews Genetics* 6, 654–662.
- Lemey, P., Salemi, M., Vandamme, A.-M. (eds.). 2009. *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*. Second edition. Cambridge University Press.