

6 créditos

2023/2023

ÁREA EVOLUCIÓN

Vespertino

Máximo 15 alumnos

octavo semestre



SEMESTRAL

SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

Dra. Deneb García Avila

HORARIO

TEORIA: martes 17:00-20:00 hrs.

LUGAR: Edificio R

PRÁCTICA: jueves: 17:00-20:00 hrs.

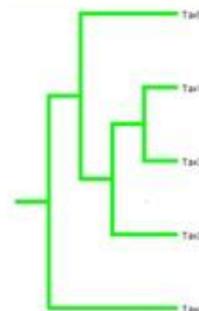
LUGAR: Edificio R

CAMPO ACUMULATIVAS: NO APLICA

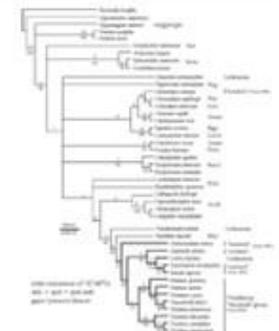
LUGAR: NO APLICA

OBJETIVO: Que los alumnos aprenda a realizar un análisis filogenético y aprendan a interpretar una filogenia.

REQUISITOS: Facilidad para leer textos en inglés



En este curso aprenderás a realizar una filogenia analizando datos morfológicos y moleculares. Además comprenderás la importancia que ha tenido esta interesante disciplina en los cambios taxonómicos de diferentes grupos biológicos



Curriculum brevis

Dra. Deneb García Avila. Profesora-Investigadora Titular A, de tiempo completo. Egresada del Doctorado en Ciencias (Sistemática) del Instituto de Ecología, A.C. de Xalapa, Veracruz y Licenciatura en Biología por la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México. Actualmente labora en el área de Briofitas y sistemática filogenética en el Herbario EBUM – Jardín Botánico Nicolaíta “Melchor Ocampo” de la Facultad de Biología, UMSNH. Desarrolla las siguientes líneas de investigación: 1) Sistemática filogenética y taxonomía de briofitas (musgos, hepáticas y antocerotes); 2) Filogeografía y diversidad genética de Briofitas, 3) Biogeografía y evolución de plantas no vasculares; 4) relaciones hídricas de las briofitas en un contexto filogenético. Imparte cursos curriculares a nivel Licenciatura (Biología General, Biogeografía, Evolución y Principios de Sistemática Biológica), así como las optativas de Sistemática filogenética y Biología, sistemática y evolución de briofitas. En el posgrado ha impartido los cursos optativos de Sistemática Molecular y Biología de Briofitas. Ha graduado dos alumnos de Maestría y cuatro de Licenciatura. Actualmente asesora a dos tesis de Licenciatura.

PROGRAMA DE LA MATERIA



UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLÁS
DE HIDALGO

FACULTAD DE BIOLOGÍA



NOMBRE DEL CURSO: SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA.

GRADO EN QUE SE CURSA: OCTAVO SEMESTRE.

CARGA HORARIA:

3 HORAS SEMANALES DE TEORÍA - martes: 17:00 a 20:00 hrs. Edificio R.

3 HORAS SEMANALES DE PRÁCTICA - jueves: 17:00 a 20:00 hrs., Edificio R.

CRÉDITOS: 6

ÁREA ACADÉMICA: EVOLUCIÓN

FECHA DE ELABORACIÓN: JULIO DEL 2010

ÚLTIMA REVISIÓN: OCTUBRE DEL 2022

PARTICIPANTES EN LA ELABORACIÓN:

DRA. DENE B GARCÍA AVILA

PARTICIPANTES EN LA REVISIÓN:

DRA. DENE B GARCÍA AVILA

PARTICIPANTES EN EL DESARROLLO:

DRA. DENE B GARCÍA AVILA

PERFIL PROFESIONAL DEL PROFESOR: Biólogo con Doctorado en Ciencias (Sistemática) y experiencia en sistemática filogenética.

INTRODUCCIÓN

La sistemática filogenética tiene más de 40 años de existencia. Se planteó como una alternativa al estudio de las relaciones entre los organismos. Su objetivo es recuperar grupos naturales (monofiléticos) detectados mediante sinapomorfias (caracteres derivados compartidos). Se entiende que si dos taxones son grupos hermanos esto se debe a que comparten un ancestro en común y por lo tanto

presentan características compartidas. La sistemática filogenética analiza caracteres morfológicos y moleculares para detectar relaciones de hermandad. Un análisis filogenético se puede realizar a diferentes niveles taxonómicos (división, clase, orden, familia, género) y el muestreo taxonómico depende de la problemática que se intenta responder. A la fecha existen diversas metodologías para reconstruir filogenias (cladismo, máxima verosimilitud, métodos bayesianos) y el tipo de datos que se pueden analizar se ha incrementado al grado de incluir genomas en los análisis filogenéticos. En este curso se abordará con detalle la metodología cladista y el análisis de la variación morfológica y molecular de taxones de interés. Además, se presentarán y discutirán estudios representativos que ilustren los temas abordados.

Se pretende que los alumnos aprendan cómo realizar un análisis cladístico, desde el diseño hasta la ejecución e interpretación de la hipótesis filogenética. Esto se logrará mediante la revisión de teoría y las sesiones prácticas

UTILIDAD DE LA SISTEMÁTICA: Actualmente las filogenias son un punto central para entender la relación entre los organismos. Se utilizan con frecuencia para realizar cambios taxonómicos. Y aunque aún no se han detectado completamente las relaciones de todos los organismos existen avances interesantes y se ha propuesto un “árbol de la vida”, un “árbol del tiempo de la vida”, una “red de la vida” y diversas herramientas digitales e interactivas que muestran las relaciones filogenéticas entre los diversos grupos biológicos. Estos avances han permitido entender el origen y evolución de diversas características morfológicas, funciones, compuestos químicos, aspectos conductuales y ha permitido explicar de otra forma los procesos de especiación y divergencia de linajes. Las filogenias tienen otra utilidad: sirven para decidir estrategias de conservación, en la agricultura y en la medicina.

En este curso se pretende revisar las bases teóricas y metodológicas de la sistemática filogenética, explorar las tendencias actuales y discutir los puntos fuertes y débiles de esta interesante disciplina.

I. OBJETIVO GENERAL

Que el alumno adquiera los conocimientos teóricos y metodológicos básicos para realizar un análisis filogenético y que aprenda a tomar decisiones taxonómicas basadas en una hipótesis filogenética.

II. CONTENIDO PROGRAMÁTICO (Teoría: martes 17:00 – 20:00, edificio R)

Teoría: 54 horas

Unidad 1. Introducción a la sistemática (9 horas).

OBJETIVO: Que el alumno entienda los principios básicos de la sistemática filogenética, así como sus aplicaciones en diversas áreas del conocimiento y que aprenda las diferencias entre los conceptos básicos.

- 1.1. Las relaciones evolutivas previo a la sistemática filogenética
- 1.2. Breve historia de la sistemática filogenética
- 1.3. Taxonomía y filogenias. - ¿cómo entender la biodiversidad y su

evolución?

1.4. Utilidad de las filogenias en áreas del conocimiento

1.5. Conceptos básicos en sistemática filogenética

1.6. Criterios para definir un proyecto de sistemática.

Decisión del grupo taxonómico para el proyecto.

Unidad 2. Diseño cladístico (21 horas).

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a seleccionar taxones y caracteres para un análisis filogenético. Que aprenda a establecer las hipótesis de homología primaria tanto para caracteres morfológicos como para caracteres moleculares.

2.1. Muestreo de taxones y selección de caracteres

2.1.1. Jerarquía taxonómica

2.1.2. Definición y selección de grupo interno y externo

2.1.3. Criterios para seleccionar caracteres

Planteamiento del proyecto (presentación ante grupo).

2.3. Caracteres morfológicos

2.3.1. Tipo de variación morfológica

2.3.1.1. Macro y micro morfología

2.3.1.2. Morfométricos y merísticos

2.3.2. Definición de homología y tipos de homología.

2.3.2.1. Planteamientos de hipótesis de homología

2.3.2.2. Diferencias entre caracteres binarios, multiestado, polimórficos

2.3.3. Definición de homoplasia

2.3.4. Preparación de la matriz de datos para el análisis cladístico.

Exposición de artículos filogenias morfológicas

2.4. Caracteres moleculares

2.4.1. Genes codificadores

2.4.1.1. Variación y utilidad filogenética

2.4.2. Regiones intergénicas

2.4.2.1. Variación y utilidad filogenética

2.4.3. Alineamiento de datos moleculares

2.4.4. Preparación de la matriz de datos para el análisis cladístico.

Exposición de artículos filogenias moleculares

Unidad 3. Reconstrucción filogenética con parsimonia (12 horas).

OBJETIVO: Que el alumno entienda el concepto de parsimonia aplicado a la reconstrucción filogenética. Que conozca los modelos de parsimonia y entienda cómo se ejecuta un análisis filogenético.

3.1 ¿Qué es Parsimonia?

3.2 Modelos de Parsimonia

3.3 Construcción de redes y optimización de caracteres

3.4 Orientación de las redes y polarización de caracteres

3.4.1. Método del grupo externo

3.5. Estrategias de búsqueda del árbol más parsimonioso

- 3.5.1. Exhaustiva
- 3.5.2. Branch & Bound
- 3.5.3. Heurística
- 3.6. Detección de sinapomorfias, homoplasias, apomorfias y autoapomorfias
- 3.7. Medidas de ajuste de los datos
- 3.8. Cálculo de árboles de consenso

Presentación de avances del proyecto

Unidad 4. Métodos de evaluación de hipótesis filogenéticas (6 horas).

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a ejecutar los métodos de re-muestreo para evaluar el soporte de los clados y a calcular el índice de Bremer. Que entienda la importancia de tales métodos y aprenda a interpretar los resultados.

- 4.1. Re-muestreo de caracteres
 - 4.1.1. Bootstrap
 - 4.1.2. Jackknife
- 4.2. Midiendo pasos -- ¿Cuántos resiste una filogenia antes de colapsarse?
 - 4.2.1. Índice de Bremer

Exposición de artículos

Unidad 5. Decisiones taxonómicas basadas en filogenias (6 horas).

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a interpretar una filogenia, que comprenda cómo aplicar el concepto filogenético de especie y las reglas de los códigos de nomenclatura para realizar cambios taxonómicos basados en una hipótesis filogenética.

- 5.1. Reglas básicas de nomenclatura (CINB, CINZ)
- 5.2. Concepto filogenético de especie
- 5.3. Niveles de los clados en la filogenia
- 5.4. Ilustración con ejemplos botánicos y zoológicos
- 5.5. Discusión sobre el impacto en clasificaciones actuales.

Exposición de artículos

III. SESIONES PRÁCTICAS (jueves 17:00-20:00)

Práctica: 42 horas.

PRÁCTICA N° 1. INSTALACIÓN DE SOFTWARE Y PROPORCIÓN DE MANUALES.

OBJETIVO: Que el alumno se familiarice con los programas de cómputo que se utilizarán a lo largo del curso.

PRÁCTICA N° 2. SELECCIÓN DE TAXONES.

OBJETIVOS: Que el alumno entienda la diferencia entre grupo interno y externo. Que sea capaz de seleccionar los taxones de acuerdo con el problema que intenta resolver.

PRÁCTICA N° 3. SELECCIÓN DE CARACTERES.

OBJETIVOS: Que aprenda a seleccionar los caracteres adecuados para el problema que intenta resolver.

PRÁCTICA N° 4. MATRIZ DE DATOS MORFOLÓGICA(1)

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a utilizar las funciones básicas del programa para elaborar la matriz de datos.

PRÁCTICA N° 5. MATRIZ DE DATOS MORFOLÓGICA (2): Captura de caracteres y estados de carácter.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a establecer hipótesis de homología primaria con caracteres morfológicos. Que inicie la captura de los datos para su proyecto.

PRÁCTICA N° 6. SECUENCIAS GENE BANK y ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS

OBJETIVOS: Que el alumno aprenda a obtener secuencias del banco de genes (GeneBank) de acceso libre y realice el alineamiento automático, en línea.

PRÁCTICA N° 7. MATRIZ DE DATOS MOLECULAR.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a elaborar una matriz de secuencias para su posterior análisis filogenético.

PRÁCTICA N° 8. MATRIZ DE DATOS COMBINADA (MORFOLOGICA Y MOLECULAR).

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a elaborar una matriz combinada de datos morfológicos y moleculares para su posterior análisis filogenético.

PRÁCTICA N° 9. ESTRATEGIAS DE BÚSQUEDA.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a diferenciar que tipo de estrategia de búsqueda es la más apropiada para su proyecto. Que aprenda a ejecutar la búsqueda y guardar toda la información para su posterior edición.

PRÁCTICA N° 10. CÁLCULO DE ÁRBOLES DE CONSENSO.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a calcular los árboles de consenso (estricto y mayoría) y que entienda cómo interpretarlos

PRÁCTICA N° 11. MEDIDAS DE AJUSTE DE LOS DATOS (índices consistencia, retención, homoplasia)

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a obtener las medidas de ajuste de los datos y aprenda a interpretarlas.

PRÁCTICA N° 12. IDENTIFICACIÓN DE SINAPOMORFIAS Y HOMOPLASIAS.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a trazar caracteres en la filogenia para identificar sinapomorfías, homoplasias, autoapomorfías lo que le ayudará a interpretar la evolución de los caracteres.

PRÁCTICA N° 13. BOOTSTRAP Y JACKKNIFE.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a ejecutar los métodos de evaluación de hipótesis filogenéticas basados en re-muestreo de caracteres con reemplazo y sin reemplazo.

PRÁCTICA N° 14. CÁLCULO DEL ÍNDICE DE BREMER.

OBJETIVO: Que el alumno aprenda a ejecutar el índice de Bremer (o de decaimiento) en una hipótesis filogenética

PRÁCTICA N° 15. DECISIONES TAXONÓMICAS BASADAS EN FILOGENIAS

OBJETIVO: Que el alumno entienda cómo se realizan las decisiones taxonómicas usando los resultados de un análisis filogenético.

IV. METODOLOGÍA Y DESARROLLO GENERAL DEL CURSO

Presentaciones de los temas indicados en el temario y presentación de artículos de estudios de caso por parte de la profesora. Exposición de artículos, frente a grupo, por parte de los alumnos. Discusión general de artículos que aborden aspectos teóricos y estudios de caso. Actividades prácticas para reforzar los temas teóricos.

Los alumnos desarrollarán un proyecto de investigación que consistirá en la elaboración de una filogenia, de un grupo biológico de su interés. Los **proyectos** de investigación serán **individuales**. Los alumnos inscritos deberán presentar un protocolo del proyecto al final del primer mes de clases. **La elaboración de la matriz de datos y la ejecución de la filogenia se realizará durante las sesiones prácticas del curso.** Estas sesiones también servirán para que los alumnos presenten avances de sus proyectos. Al finalizar el curso, el alumno deberá presentar ante grupo los resultados (filogenias) de su proyecto en una exposición y deberá entregar el escrito final (reporte) del proyecto. Los lineamientos que deberán seguir para la entrega del proyecto serán proporcionados por la profesora durante las primeras semanas del curso.

V. SISTEMA GENERAL DE EVALUACIÓN

Se realizarán evaluaciones teórico-prácticas. La teoría se evaluará mediante exámenes parciales y la discusión y exposición de artículos científicos. La práctica se evaluará con el proyecto de investigación pues se espera que en cada sesión práctica el alumno realice avances de su proyecto de investigación. Para tener derecho a la presentación de exámenes y a la entrega de proyectos deberá cubrir como mínimo el 80% de asistencias al curso.

EVALUACIÓN DE LA PARTE TEÓRICA

- Asistencia a clases: 10%
- 2 exámenes parciales: 25%
- Discusión y exposición de artículos científicos: 15%

TOTAL: 50%

EVALUACIÓN DE LA PARTE PRÁCTICA (proyecto de investigación)

- Asistencia a sesiones prácticas 10%
- Presentación del proyecto frente a grupo 20%
- Entrega del escrito del proyecto de investigación 20%

TOTAL: 50%

TEORÍA (50%) + PRÁCTICA (50%) = 100 %

VI. SALIDA DE CAMPO --- **NO APLICA**

VII. CORRELACIÓN CON OTRAS MATERIAS: Evolución, Biogeografía, Principios de sistemática biológica, Botánica y Zoología.

VIII. CRONOGRAMA DE ACTIVIDADES

Actividades en el Aula (sesiones teóricas).

- Unidad 1. Semana 1 a la 2
- Unidad 2. Semana 3 a la 8
- Unidad 3. Semana 9 a la 12
- Unidad 4. Semana 13 a la 14
- Unidad 5. Semana 15 a la 16

Actividades en Laboratorio (sesiones prácticas).

- Práctica 1. Semana 1
- Práctica 2. Semana 2
- Práctica 3. Semana 3
- Práctica 4. Semana 4
- Práctica 5. Semana 5
- Práctica 6. Semana 6
- Práctica 7. Semana 7
- Práctica 8. Semana 8
- Práctica 9. Semana 9
- Práctica 10. Semana 10
- Práctica 11. Semana 11
- Práctica 12. Semana 12
- Práctica 13. Semana 13
- Práctica 14. Semana 14
- Práctica 14. Semana 15

IX. REFERENCIAS

- Bremer, K. 1994. Branch support and tree stability. *Cladistics* **10**: 295-304.
- De Pinna, M.C.C. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. *Cladistics* **7**: 367-394.
- De Queiroz, K. 1985. The ontogenetic method for determining character polarity and its relevance to phylogenetic systematic. *Systematic Zoology* **34**: 280-299.
- Donoghue, M.J., Doyle, D.J., Kluge, A.K. & Rowe, T. 1989. The importance of fossils in phylogeny reconstruction. *Annual Review of Ecology and Systematics* **20**: 431-460.
- Farris, J.S., Albert, V.A., Källersjö, M., Lipscomb, D. & Kluge, A.G. 1996. Parsimony jackknifing outperforms neighbor-joining. *Cladistics* **12**: 99-124.
- Farris, J.S. 1989. The retention index and the rescaled consistency index. *Cladistics* **5**: 417-419.
- Farris, J.S. 1989. The Retention Index and Homoplasy Excess. *Systematic Zoology* **38**: 406-407.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* **39**: 783-791.

- Hennig, W. 1966. *Phylogenetic systematics*, edn. University of Illinois Press, Urbana, Urbana.
- Klassen, G.J., Mooi, R.D. & Locke, A. 1991. Consistency Index and random data. *Systematic Zoology* **40**: 446-457.
- Kitching, I.J., Forey, P.L., Humphries, C.J. & Williams, D.M. 1998. *Cladistics: The theory and practice of parsimony analysis*, 2nd edn. The Systematics Association,
- Mindell, D.P. 1991. Similarity and congruence as criteria for molecular homology. *Molecular Biology and Evolution* **8**: 897-900.
- Mishler, B.D. 1994. The cladistic analysis of molecular and morphological data. *American Journal of Physiological Anthropology* **94**: 143-156.
- Mishler, B.D. 2000. Deep phylogenetic relationships among "plants" and their implications for classification. In: *Plant Systematics. A half century of progress (1950-2000) and future challenges* (T.F. Stuessy, E. Horandl & V. Mayer, eds), pp. 661-683. International Association of Plant Taxonomist, Vienna.
- Mort, M.E., Soltis, P.S., Soltis, E.D. & Mabry, M.L. 2000. Comparison of three methods for estimating internal support on phylogenetic trees. *Systematic Biology* **49**: 160-171.
- Nelson, G.J. 1978. Ontogeny, phylogeny, paleontology, and the biogenetic law. *Systematic Zoology* **27**: 324-345.
- Nixon, K.C. 1999. The parsimony ratchet a new method for parsimony analysis. *Cladistics* **15**: 407-414.
- Patterson, C. 1982. Morphological characters and homology. In: *Problems of phylogenetic reconstruction* (K.A. Joysey & A.E. Friday, eds), pp. 21-74. Academic Press, London.
- Patterson, C. 1988. Homology in classical and molecular biology. *Molecular Biology and Evolution* **5**: 603-625.
- Rieppel, O. 1992. Homology and logical fallacy. *Journal of Evolutionary Biology* **5**: 701-715.
- Rieppel, O. 1994. Homology, topology, and typology. In: *Homology: The hierarchical basis of comparative biology* (B.K. Hall, eds), pp. 63-100. Academic Press, London.
- Sanderson, M.J. & Donoghue, M.J. 1989. Patterns of variation in levels of homoplasy. *Evolution* **43**: 1781-1795.
- Thompson, J.D., Higgins, D.G. & Gibson, T.J. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* **22**: 4673-4680.
- Wiley, E.O. 1981. *Phylogenetics: the theory and practice of phylogenetic systematics*, edn. New York.