

SEMESTRAL

SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

Dra. Deneb García Ávila

6 créditos

2026/2026

ÁREA EVOLUCIÓN

Vespertino

Máximo 15 alumnos

octavo semestre



HORARIO

TEORIA: martes 16:00-19:00

LUGAR: Edificio R

PRÁCTICA: viernes: 16:00-19:00

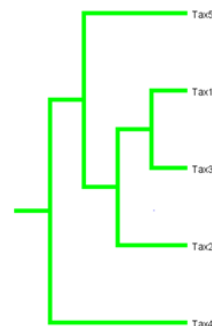
LUGAR: Edificio R

CAMPO ACUMULATIVAS: NO APLICA

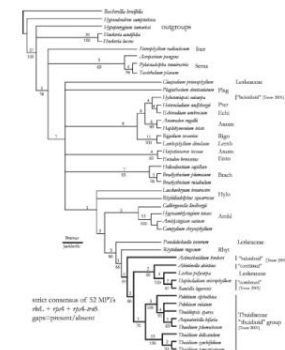
LUGAR: NO APLICA

OBJETIVO: 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.

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

La Dra. Deneb García Ávila es Profesora-Investigadora Titular A, de tiempo completo adscrita a la Facultad de Biología de la UMSNH. Actualmente labora en el área de Briofitas y sistemática filogenética en el Herbario EBUM – Jardín Botánico Nicolaíta “Melchor Ocampo”. Es egresada del Doctorado en Ciencias (Sistemática) del Instituto de Ecología, A.C. de Xalapa, Veracruz y de la Licenciatura en Biología de la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México. Actualmente desarrolla un proyecto de investigación relacionado con la taxonomía y sistemática del musgo *Thuidium delicatulum* con sus tres variedades (*T.d.radicans*, *T.d.delicatulum* y *T.d.peruvianum*) y especies relacionadas. Sus intereses de investigación incluyen: 1) Sistemática filogenética y taxonomía de briofitas; 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. En docencia, 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, participa como profesora en el área temática de Biología evolutiva y además ha impartido los cursos optativos de Sistemática Molecular y Biología de Briofitas. Ha recibido a estudiantes del Verano Nicolaíta y Verano Delfín. Actualmente asesora a cuatro egresados de Licenciatura.

U.M.S.N.H



UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLÁS DE HIDALGO FACULTAD DE BIOLOGÍA

PROGRAMA DE LA MATERIA DE SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

Datos generales:

Semestre: Octavo

Área académica: Evolución

Carga horaria: 6 horas por semana (Teoría 3, prácticas 3, campo 0)

Número de semanas del semestre: 16

Número de créditos: 6

Fecha de elaboración: Julio de 2010

Participantes en la elaboración: Dra. Deneb García Ávila

Fecha de la última revisión: Septiembre de 2025

Participantes en la última revisión: Dra. Deneb García Ávila

Correlación directa con otras materias: Principios de Sistemática Biológica, Evolución, Botánica, Zoología.

Perfil profesional del profesor: Biólogo (a) con Doctorado en Ciencias (Sistemática) y experiencia en Sistemática filogenética y sistemática molecular.

Introducción (máximo media cuartilla)

La sistemática filogenética tiene más de 50 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 distintas 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.

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.

Contenidos

Presentación del curso (tiempo dedicado en horas)

Unidad 1. Introducción a la Sistemática (9 horas)

Objetivo: Comprender los principios básicos de la sistemática filogenética, así como sus aplicaciones en diversas áreas del conocimiento y valorar su relevancia en el estudio de la diversidad biológica.

- 1.1 Desarrollo histórico de la sistemática filogenética
- 1.2 Taxonomía y filogenias - ¿Cómo entender la biodiversidad y su evolución?
- 1.3 Utilidad de las filogenias en diferentes áreas del conocimiento
- 1.4 Conceptos básicos en sistemática filogenética
- 1.5 Criterios para definir un proyecto de sistemática

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
- 2.2 Caracteres morfológicos
 - 2.2.1. Tipo de variación morfológica
 - 2.2.2. Macro y micro morfología
 - 2.2.3. Morfométricos y merísticos
 - 2.2.4. Homología y tipos de homología
 - 2.2.5. Definición de caracteres y estados de carácter
 - 2.2.6. Planteamiento de hipótesis de homología
 - 2.2.7. Diferencias entre caracteres binarios, multiestado, polimórficos
 - 2.2.8. Definición de Homoplasia
 - 2.2.9. Preparación de la matriz de datos para el análisis cladístico
- 2.3 Caracteres moleculares
 - 2.3.1. Tipo de variación molecular para reconstrucción filogenética

- 2.3.2. Variación y utilidad filogenética de las distintas regiones del genoma
- 2.3.3. Homología en datos moleculares
- 2.3.4. Alineamiento manual vs automático
- 2.3.5. Preparación de matriz de datos para el análisis cladístico

Unidad 3. Reconstrucción filogenética mediante 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 cladístico.

- 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
- 3.5 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 sinapomorfías, homoplasias, apomorfías y autoapomorfías
- 3.7 Medidas de ajuste de los datos (CI, HI, RI)
- 3.8 Cálculo de árboles de consenso

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 de una filogenia 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

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
- 5.2 Concepto filogenético de especie
- 5.3 Niveles de los clados en la filogenia
- 5.4 Ejemplos zoológicos y botánicos
- 5.5. Impacto en las clasificaciones actuales

Metodología y desarrollo general del curso

Exposiciones 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 deberán presentar un protocolo del proyecto al final del primer mes de clases. **La elaboración de las matrices 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.

PRÁCTICAS DE LABORATORIO (listar todas las prácticas que se realizarán en el semestre, en caso de no tenerlas anotar NO APLICA)

Práctica 1.- Instalación de software para los análisis

Práctica 2.- Selección de taxones

Práctica 3.- Selección de caracteres

Práctica 4. - Matriz de datos morfológicos 1

Práctica 5. – Matriz de datos morfológicos 2

Práctica 6. - Secuencias Genbank y alineamiento de secuencias

Práctica 7. – Matriz de datos moleculares

Práctica 8. - Matriz de datos combinados (morfológica y molecular)

Práctica 9. – Estrategias de búsqueda

Práctica 10. - Cálculo de árboles de consenso

Práctica 11. – Medidas de ajuste de los datos (índices de consistencia, homoplasia y retención)

Práctica 12. - Identificación de sinapomorfías y homoplasias

Práctica 13. – Bootstrap y Jackknife

Práctica 14. - Cálculo del índice de Bremer

Práctica 15. – Decisiones taxonómicas basadas en filogenias

SALIDAS DE CAMPO (Cuando aplique anotar la información de campo correspondiente, incluir lugar y fecha de cada sección)

Sección	Lugar de salida de campo	Fecha de la salida
---------	--------------------------	--------------------

CONFERENCIAS (si aplica)

Título de la conferencia	Nombre del Ponente	Fecha	Modalidad (en línea/ presencial)

EVALUACIÓN

Evaluación diagnóstica. – Se realiza previo al desarrollo del curso y tiene como objetivo determinar fortalezas y limitaciones de los estudiantes (sin calificación).

Evaluación formativa. - Se realiza como parte del proceso enseñanza-aprendizaje (asignaciones, actividades en clase).

Evaluación sumativa. - es la evaluación final (ordinaria), al término de un proceso instruccional, valora resultados.

- Se requiere la asistencia a clases que pide el reglamento general de exámenes de la UMSNH para tener derecho a la evaluación final. En caso de que el alumno repruebe (5 o menos) el alumno tendrá derecho a examen extraordinario bajo los lineamientos del dicho reglamento.

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.

EVALUACIÓN DE LA PARTE TEÓRICA

- | | |
|--|------------|
| • Asistencia a clases: | 10% |
| • 2 exámenes parciales: | 15% |
| • Discusión y exposición de artículos científicos: | 15% |
| TOTAL: | 40% |

EVALUACIÓN DE LA PARTE PRÁCTICA (proyecto de investigación)

- | | |
|--|------------|
| • Asistencia a sesiones prácticas | 10% |
| • Desarrollo de proyecto y presentación frente a grupo | 30% |
| • Entrega por escrito del proyecto de investigación | 20% |
| TOTAL: | 60% |

BIBLIOGRAFÍA (en orden alfabético por apellido del primer autor)

- 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.

PROPUESTA DE CALENDARIO DE ACTIVIDADES

SEMANA 1 (03 al 06 de febrero)	SEMANA 2 (09 al 13 de febrero)
1.1 Desarrollo histórico de la sistemática filogenética 1.2 Taxonomía y filogenias - ¿Cómo entender la biodiversidad y su evolución? Práctica 1	1.3 Utilidad de las filogenias en diferentes áreas del conocimiento 1.4 Conceptos básicos en sistemática filogenética Práctica 2
SEMANA 3 (16 al 20 de febrero)	SEMANA 4 (23 al 27 de febrero)
1.5 Criterios para definir un proyecto de sistemática 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 Práctica 3	2.2 Caracteres morfológicos 2.2.1. Tipo de variación morfológica 2.2.2. Macro y micro morfología 2.2.3. Morfométricos y merísticos 2.2.4. Homología y tipos de homología 2.2.5. Definición de caracteres y estados de carácter Práctica 4
SEMANA 5 (02 al 06 de marzo)	SEMANA 6 (09 al 13 de marzo)
2.2.6. Planteamiento de hipótesis de homología 2.2.7. Diferencias entre caracteres binarios, multiestado, polimórficos 2.2.8. Definición de Homoplasia 2.2.9. Preparación de la matriz de datos para el análisis cladístico Práctica 5	2.3 Caracteres moleculares 2.3.1. Tipo de variación molecular para reconstrucción filogenética 2.3.2. Variación y utilidad filogenética de las distintas regiones del genoma Práctica 6

SEMANA 7 (16 al 20 de marzo) 2.3.3. Homología en datos moleculares 2.3.4. Alineamiento manual vs automático 2.3.5. Preparación de matriz de datos para el análisis cladístico Práctica 7	SEMANA 8 (23 al 27 de marzo) 3.1 ¿Qué es parsimonia? 3.2 Modelos de parsimonia 3.3 Construcción de redes y optimización de caracteres Práctica 8
SEMANA 9 (13 al 17 de abril) 3.4 Orientación de las redes y polarización de caracteres 3.5 Método del grupo externo Práctica 9	SEMANA 10 (20 al 24 de abril) 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 sinapomorfías, homoplasias, apomorfías y autoapomorfías Práctica 10
SEMANA 11 (27 al 30 de abril) 3.7 Medidas de ajuste de los datos (CI, HI, RI) 3.8 Cálculo de árboles de consenso Práctica 11	SEMANA 12 (04 al 08 de mayo) 4.1 Re-muestreo de caracteres 4.1.1. Bootstrap 4.1.2. Jackknife Práctica 12
SEMANA 13 (11 al 15 de mayo) 4.2 Midiendo pasos - ¿Cuántos resiste una filogenia antes de colapsarse? 4.2.1. índice de Bremer Práctica 13	SEMANA 14 (18 al 22 de mayo) 5.1 Reglas básicas de nomenclatura 5.2 Concepto filogenético de especie 5.3 Niveles de los clados en la filogenia Práctica 14
SEMANA 15 (25 al 29 de mayo) 5.4 Ejemplos zoológicos y botánicos 5.5. Impacto en las clasificaciones actuales Práctica 15	SEMANA 16 (01 al 05 de junio) Presentación final de proyectos