



Máster en Iniciación a la Investigación en Ciencias Agrarias y del Medio Natural

61815 - II. Filogenias y evolución

Guía docente para el curso 2012 - 2013

Curso: 1, Semestre: 2, Créditos: 3.0

Información básica

Profesores

- María Pilar Catalán Rodríguez pcatalan@unizar.es
- Luis Ángel Inda Aramendía lainda@unizar.es
- Diana Carolina López Álvarez dclopez@unizar.es

Recomendaciones para cursar esta asignatura

Actividades y fechas clave de la asignatura

Inicio

Resultados de aprendizaje que definen la asignatura

El estudiante, para superar esta asignatura, deberá demostrar los siguientes resultados...

- 1:** Explica y relaciona de manera clara los conceptos, modelos y teorías fundamentales implícitas en las reconstrucciones filogenéticas y la evolución
- 2:** Es capaz de desarrollar criterios para la definición de los objetivos de una investigación, valorando la orientación recibida para la planificación y realización del trabajo, fomentando el diálogo y el espíritu crítico. Es capaz de exponer y sustentar en público dicha investigación.
- 3:** Sabe integrar los conocimientos prácticos y teóricos de filogenias y evolución entre sí y aplicarlos a la investigación del origen y relaciones de parentesco de los organismos, de estimación de sus tiempos de divergencia y de estimación de sus patrones biogeográficos
- 4:** Conoce los métodos y las herramientas para identificar, analizar y resolver casos de filogenias y evolución

5: Comprende y sabe aplicar metodologías de filogenias y evolución en proyectos de investigación

Introducción

Breve presentación de la asignatura

Contiene los fundamentos de los principios y de los métodos de análisis de las filogenias y de sus aplicaciones al estudio de la evolución de los organismos

Contexto y competencias

Sentido, contexto, relevancia y objetivos generales de la asignatura

La asignatura y sus resultados previstos responden a los siguientes planteamientos y objetivos:

- Ofrecer una visión global de las teorías evolutivas (Darwinismo, Neodarwinismo, teoría neutral) y de la reconstrucción del árbol de la vida
- Proporcionar las herramientas necesarias para desarrollar estudios evolutivos de seres vivos mediante diversos métodos
- Capacitar a los alumnos en el desarrollo de análisis filogenéticos
- Capacitar a los alumnos en la aplicación de los resultados filogenéticos en la resolución de diversos problemas biológicos
- Fomentar el hábito de la observación y análisis de la evolución biológica
- Incentivar la capacidad de investigación en biología evolutiva y en reconstrucciones filogenéticas
- Aplicar los conocimientos a proyectos de investigación de la evolución de organismos

Contexto y sentido de la asignatura en la titulación

La asignatura aporta conocimientos de aplicación directa al desarrollo de análisis filogenéticos y evolutivos de los seres vivos y a proyectos de investigación sobre esta temática.

Al superar la asignatura, el estudiante será más competente para...

- 1:** Entender, interpretar y extrapolar modelos y casos fundamentales del análisis de la evolución y de las filogenias
- 2:** Seleccionar las herramientas adecuadas y ser capaz de identificar, analizar y solucionar casos de reconstrucciones filogenéticas
- 3:** Ser capaz de proponer métodos especiales de análisis evolutivos de distintos organismos
- 4:** Ser capaz de definir los objetivos de una investigación evolutiva encaminada al análisis de las reconstrucciones filogenéticas entre los organismos objeto de estudio, de encontrar las fuentes de información y de exponer y sustentar en público dicha investigación

Importancia de los resultados de aprendizaje que se obtienen en la asignatura:

Le permite desarrollar trabajos de investigación sobre la evolución y las filogenias

Aporta conocimientos útiles en otras materias de la titulación

Evaluación

Actividades de evaluación

El estudiante deberá demostrar que ha alcanzado los resultados de aprendizaje previstos mediante las siguientes actividades de evaluación

1:

Evaluación continua:

1 La prueba escrita estará constituida por 5 preguntas que requieran respuestas cortas o que exijan un desarrollo más amplio del tema. El alumno tendrá que unificar, contextualizar y extrapolar lo aprendido en la asignatura a problemas reales de análisis filogenéticos. La prueba escrita estará basada en el programa de actividades de aprendizaje programadas.

La prueba se valorará con una puntuación máxima de 5 puntos (hasta un máximo de 1 punto por pregunta). Esta calificación, junto con la de la prueba práctica, darán la puntuación final de la asignatura (hasta un máximo de 10 puntos).

2 Prueba práctica:

La prueba práctica consistirá en el desarrollo y resolución de un caso de análisis filogenético empleando la metodología desarrollada en el programa de actividades de aprendizaje programadas.

La prueba se valorará con una puntuación máxima de 5 puntos (hasta un máximo de 5 puntos por el desarrollo de los análisis del caso). Esta calificación, junto con la de la prueba escrita, darán la puntuación final de la asignatura (hasta un máximo de 10 puntos).

Prueba global (en fecha determinada por el Centro):

Apartados 1 (50%) y 2 (50%)

Actividades y recursos

Presentación metodológica general

El proceso de aprendizaje que se ha diseñado para esta asignatura se basa en lo siguiente:

Las sesiones teóricas consistirán en lecciones magistrales participativas. Su desarrollo se llevará a cabo mediante explicaciones del profesor y consultas de los alumnos. También se encargará la búsqueda de información sobre aspectos vinculados a la materia de la asignatura que obliguen a los alumnos a utilizar los conocimientos impartidos en el aula.

Las sesiones prácticas consistirán en el aprendizaje de métodos de análisis filogenéticos y de sus aplicaciones a la resolución de problemas biológicos y evolutivos utilizando programas estadísticos de uso común en estas investigaciones.

Actividades de aprendizaje programadas (Se incluye programa)

El programa que se ofrece al estudiante para ayudarle a lograr los resultados previstos comprende las siguientes actividades...

1:

Programa teórico:

- Reconstrucciones filogenéticas basadas en secuencias de DNA: la búsqueda de una clasificación natural de las especies. Concepto de especie. Taxonomía. Sistemática. Significado evolutivo de la clasificación: el ideal monofilético. El cladismo. Interpretación de árboles filogenéticos. Aplicaciones de las filogenias (sistemática, biogeografía, domesticación de plantas, conservación de especies).

- Métodos filogenéticos basados en caracteres. Filogenia de organismos y filogenia de genes. Parsimonia. Parsimonia molecular. Algoritmo de Fitch. Criterios de optimización. Construcción de árboles más parsimoniosos: métodos exactos, métodos heurísticos. Índices estadísticos que estiman la adecuación de los caracteres al árbol más parsimonioso. Árboles consenso

- Propiedades de las distancias: aditivas y ultramétricas. Algoritmos de árbol único y algoritmos basados en métodos de optimización. Árboles ultramétricos y linearizados, el reloj molecular. La propiedad de los cuatro puntos y los métodos de cuartetos. UPGMA y Neighbor-joining

- Máxima verosimilitud y modelos evolutivos. Pruebas estadísticas en la comparación de modelos evolutivos. Métodos filogenéticos bayesianos. Teorema de Bayes. Inferencia filogenética bayesiana

- Errores sistemáticos y errores aleatorios. Permutación y estructura jerárquica de los datos. Señal filogenética. Métodos analíticos: test de ramas internas. Técnicas de remuestreo: jackknife y bootstrap. Bootstrap no paramétrico. Índice de decaimiento y respaldo Bremer. Comparación de reconstrucciones filogenéticas: Pruebas de Templeton, de Kishino y Hasegawa, y de Shimodaira y Hasegawa

- Filogeografía y biogeografía. Árboles filogenéticos y modelos de clados anidados. Patrones filogeográficos. Tasas de sustituciones nucleotídicas. Tasas evolutivas de organismos. Tiempos de divergencia: reloj molecular, y modelos de reloj molecular relajado (bayesianos). Biogeografía: fenómenos de dispersión vs vicarianza.

2:

Programa práctico:

- Obtención de secuencias de DNA (Genbank, datos propios: Sequencher). Alineamiento múltiple de secuencias (Clustal, Mega, Se-AL). Reconstrucción de filogenias por parsimonia (Paup*)

- Reconstrucción de filogenias basadas en distancias (Paup*). Pruebas estadísticas en la comparación de modelos evolutivos (Model Test). Reconstrucción de filogenias basadas en máxima verosimilitud (Paup*, Palm, PhymI)

Planificación y calendario

Calendario de sesiones presenciales y presentación de trabajos

El calendario de las clases se ajustará al calendario lectivo de la Universidad de Zaragoza. El horario de la asignatura y aula de clase se pueden consultar en la pagina web de la Escuela Politécnica Superior de Huesca, así como el horario de tutorías y el calendario de exámenes.

Toda la información de la asignatura se presentará el primer día de clase de cada año y se colgará en el anillo digital docente

Referencias bibliográficas de la bibliografía recomendada