	UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO **PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** **MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** **Programa de actividad académica**	

Denominación:	**MÉTODOS DE RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA**				
Clave:	**Semestre(s):** 1	**Campo de Conocimiento:** Biología Evolutiva, Sistemática			**No. Créditos:** 8
Carácter: Optativo de elección		**Horas**		**Horas por semana**	**Horas al Semestre**
Tipo: Teórico-Práctica		**Teoría:** 2	**Práctica:** 2	4	64
Modalidad: Curso	**Duración del programa:** Semestral				

Seriación: Sin Seriación (X) Obligatoria ( ) Indicativa ( )

Objetivo general: Que el alumno comprenda los fundamentos teóricos de las escuelas de sistemática filogenética y sea capaz de formular e interpretar hipótesis de relaciones filogenéticas y evolutivas entre taxones, empleando para ello los principales programas de cómputo.
Que el alumno conozca los principales métodos de reconstrucción filogenética empleados en la actualidad, así como la relevancia del enfoque filogenético para la sistemática y otras disciplinas biológicas.

Índice Temático

Unidad	Tema	Horas	
		Teóricas	Prácticas
1	Introducción	3	3
2	Conceptos de especie y modelos de especiación	3	3
3	Taxones supraespecíficos	3	3
4	Homología	3	3
5	Caracteres	3	3
6	Unidades terminales y taxones	3	3
7	Método de parsimonia	3	3
8	Métodos de distancia	3	3
9	Métodos probabilísticos basados en modelos	3	3
10	Aplicaciones de las hipótesis filogenéticas	5	5
	Total de horas:	32	32
	Suma total de horas:	64	

Contenido Temático

Unidad	Tema y Subtemas
1	Introducción 1.1 Sistemática y Taxonomía: conceptos generales; la sistemática como disciplina en la Biología 1.2 Historia de la Sistemática: breve historia de las clasificaciones biológicas 1.3 Filosofías en la reconstrucción filogenética: Evolucionismo, Feneticismo, Cladismo y Uso de Modelos Evolutivos
2	Conceptos de especie y modelos de especiación 2.1 Nominalismo vs. realismo 2.2 Conceptos de especie (tipológico, paleontológico, biológico, evolutivo, filogenético, entre otros) 2.3 Anagénesis y cladogénesis 2.4 Modelos de especiación: alopátrida, simpátrida, parapátrida, peripátrida
3	Taxones supraespecíficos 3.1 Conceptos 3.2 Grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos
4	Homología 4.1 Definición de homología 4.2 Establecimiento de hipótesis de homología primaria (reglas para su postulación: conjunción, similitud y congruencia)

Unidad	Tema y Subtemas
	4.3 Homología secundaria 4.4 Tipos de homología: apomorfías (autapomorfía, sinapomorfía), plesiomorfías (simplesiomorfía) 4.5 Homoplasia
5	Caracteres 5.1Caracteres, estados de carácter; series de transformación y polaridad 5.2 Tipos de caracteres organísmicos (continuos, discontinuos; binarios, multiestado; morfológicos, ecológicos, etológicos) 5.3 Caracteres moleculares. Alineamiento de secuencias de ADN 5.4 Ventajas y desventajas de los diferentes tipos de caracteres
6	Unidades terminales y taxones 6.1 Muestreo de terminales (individuos, poblaciones, especies, taxones supraespecíficos, genes, etc.). 6.2 Muestreo de taxones: Grupo interno y externo 6.3 Análisis de datos por separado vs. análisis simultáneos 6.4 Problema de datos faltantes
7	Método de parsimonia 7.1 Conceptos generales 7.2 Argumentación Hennigiana 7.3 Optimización de caracteres: Wagner, Fitch, Dollo, Sankoff 7.4 Estadísticas de los árboles (longitud, índices de consistencia, retención y re-escalado) 7.5 Tipos de búsqueda exhaustivas y exactas (enumeración implícita, branch & amp; bound) 7.6 Búsquedas heurísticas (NNI, SPR, TBR, parsimonia de matraca y nueva tecnología) 7.7 Medidas de apoyo de las ramas (bootstrap, Jacknife, soporte de Bremer) 7.8 Árboles de consenso y compromiso 7.9 Ventajas y desventajas del método de parsimonia
8	Métodos de distancia 8.1 Conceptos generales 8.2 Métodos de distancia (NJ, UPGMA)
9	Métodos probabilísticos basados en modelos 9.1 Conceptos generales 9.2 Uso de modelos de evolución: Pruebas de saturación, selección de modelos (Modeltest), parámetros, análisis con particiones y selección de estrategias de partición de datos 9.3 Criterios de optimización: máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana 9.4 Inferencia Bayesiana: número de generaciones en un análisis, muestreo de árboles de la distribución posterior (método MCMC), determinación del 'burn-in' 9.5 Resumiendo la distribución posterior: probabilidades Bayesianas posteriores 9.6 Ventajas y desventajas de los métodos probabilísticos
10	Aplicaciones de las hipótesis filogenéticas 10.1 Fechamiento de clados, reconstrucción de caracteres ancestrales 10.2 Clasificaciones taxonómicas y nomenclatura 10.3 Adaptación, exaptación y coevolución 10.4 Biogeografía 10.5 Diversidad y conservación

Bibliografía Básica:

- Hall, B. G., *Phylogenetic trees made easy. A how-to manual*, 3era ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland., 2008.
- Anderson D.R., *Model Based Inference in the Life Sciences: A Primer on Evidence*, Springer, Basel, 2008.
- Felsenstein, J., *Inferring phylogenies*, Sinauer Associates, Inc., Sunderland, 2004.
- Bovens L. y S. Hartmann, *Bayesian Epistemology*, Oxford University Press, Oxford, 2004.
- Brown, J.H. y M.V. Lomolino, *Biogeography*, Sinauer, Suderland, Massachusetts, 1998.

Bibliografía Complementaria:

- Morrone, J. J., *El lenguaje de la cladística*, Dirección General de Publicaciones y Fomento Editorial, UNAM, México, 2000.
- Wiens, J. J., *Phylogenetic Analysis of Morphological Data*, Smithsonian Institution Press, Washington, DC, 2000.
- Salemi, M. y A. M. Vandamme (eds.), *The phylogenetic handbook*, Cambridge University Press, New York, 2003.
- Nixon K. y H. Ochoterena, *Taxonomía tradicional, cladística y construcción de hipótesis filogenéticas. En: H.M. Hernández, A.M. García Aldrete, F. Alvarez y M. Ulloa (Comps.). Enfoques Contemporáneos para el Estudio de la Biodiversidad,*, IBUNAM, 2001.
- Nei, M. y S. Kumar, *Molecular Evolution and Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford, 2000.

Sugerencias didácticas:		**Mecanismos de evaluación de aprendizaje de los alumnos:**	
Exposición oral	(X)	Exámenes Parciales	(X)
Exposición audiovisual	(X)	Examen final escrito	(X)
Ejercicios dentro de clase	(X)	Trabajos y tareas fuera del aula	(X)
Ejercicios fuera del aula	( )	Exposición de seminarios por los alumnos	(X)
Seminarios	(X)	Participación en clase	(X)
Lecturas obligatorias	(X)	Asistencia	(X)
Trabajo de Investigación	(X)	Seminario	(X)
Prácticas de taller o laboratorio	(X)	Otras:	
Prácticas de campo	( )		
Otros:			

Perfil profesiográfico:
El profesor o profesores deberán contar con el grado de maestría o doctorado y poseer amplios conocimientos y experiencia en métodos de reconstrucción filogenética, así como tener experiencia docente.