



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS				
Denominación de la actividad académica (completa): Buenas prácticas para reconocer y clasificar la biodiversidad				
Clave: <i>(no llenar)</i>	Semestre: 2025-1	Campo de conocimiento: Sistemática	Número de Créditos: 8	
Carácter <i>Optativa</i>	Horas		Horas por semana	Horas por semestre
	Teóricas	Prácticas	4	64
	2	2		
Modalidad <i>Curso</i>			Duración del curso <i>Semestral</i>	
Seriación indicativa u obligatoria antecedente, si es el caso: <i>No aplica</i>				
Seriación indicativa u obligatoria subsecuente, si es el caso: <i>No aplica</i>				
Objetivo general: La comprensión de los fundamentos necesarios para el reconocimiento taxonómico y la familiarización del estudiante con la utilización de softwares utilizados para el estudio de relación de los organismos con base en datos morfológicos y el criterio de la parsimonia.				
Objetivos específicos: Realizar diagnóstico; utilizar el software Mesquite para construcción de matrices de datos; utilizar los software Paup y TNT para la realización de estudios filogenéticos; comprensión de los diferentes parámetros que se puede utilizar para la búsqueda del árbol más parsimonioso; interpretación de árboles filogenéticos.				
Temario			Horas	
			Teóricas	Prácticas
Introducción Sistemática taxonómica: breve histórico y perspectivas; Presentación del plan de clases.			2	
Unidad 1. El básico en el reconocimiento y clasificación de la biodiversidad 1.1. Permisos; 1.2. Ejemplares; 1.3. Lugar de estudio; 1.4. Material comparativo; 1.5. Diagnóstico; 1.6. Descripción; 1.7. Clasificación supra específica;			4	2



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

1.8. La taxonomía filogenética.		
Unidad 2. Introducción a los conceptos cladísticos 2.1. Breve historia del Cladismo; 2.2. Métodos cladistas; 2.3. Cladogramas; 2.4. Autapomorfía, Apomorfía y Plesiomorfía; 2.5. Relaciones biológicas y grupos hermanos; 2.6. Tipos de Grupos.	8	6
Unidad 3. Caracteres y codificación 3.1. Tipos de caracteres (e.g., discretos, continuos); 3.2. Codificación de caracteres; 3.3. Implicaciones de la codificación de caracteres (caracteres inaplicables o desconocidos); 3.4. Polarización de caracteres; 3.5. Elaboración de matrices morfológicas.	2	5
Unidad 4. Construcción y búsqueda de árboles 4.1. Árboles de Wagner; 4.2. Búsquedas exhaustivas y heurísticas; 4.3. Búsquedas de Nuevas Tecnologías; 4.4. Análisis de matrices de datos con PAUP; 4.5. Análisis de matrices de datos con TNT; 4.6. Tipos de árboles consenso.	6	5
Unidad 5. Optimización de caracteres 5.1. Tipos de optimización; 5.2. Optimización de caracteres con PAUP; 5.3. Optimización de caracteres con TNT; Interpretación de resultados de un análisis filogenético.	4	4
Unidad 6. Mediciones de ajustes de carácter y soporte de arboles 6.1. Índices de consistencia, retención y de retención escalonado; 6.2. Soporte de Bremer; 6.3. Soporte de Bootstrap; 6.4. Jackknife; 6.5. Practicas Paup; 6.6. Practica TNT.	4	4
Unidad 7. Pesado de caracteres 7.1. Introducción al pesado de caracteres; 7.2. Pesado a priori y a posteriori; 7.3. Pesado sucesivo; 7.4. Pesos implicados; 7.5. Practica pesado de caracteres en Paup; 7.6. Practica pesado de caracteres en TNT.	3	5



Total de horas teóricas	33	
Total de horas prácticas		31
Suma total de horas	64	

Bibliografía básica

Bouckaert, R., Vaughan, T. G., Barido-Sottani, J., Duchêne, S., Fourment, M., Gavryushkina, A., ... & Matschiner, M. (2019). BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS computational biology*, 15(4), e1006650.

Catalano, S. A., & Torres, A. (2017). Phylogenetic inference based on landmark data in 41 empirical data sets. *Zoologica Scripta*, 46(1), 1-11.

Catalano, S. A., Goloboff, P. A., & Giannini, N. P. (2010). Phylogenetic morphometrics (I): the use of landmark data in a phylogenetic framework. *Cladistics*, 26(5), 539-549.

Elewa, A. M. (Ed.). (2004). *Morphometrics: applications in biology and paleontology* (Vol. 14). Springer Science & Business Media.

Gareth, J., Witten, D., Hastie, T. & Tibshirani, R. (2013) *An Introduction to Statistical Learning with Applications in R* (p. 454). Springer.

Goloboff, P. A., Farris, J. S., & Nixon, K. C. (2008). TNT, a free program for phylogenetic analysis. *Cladistics*, 24(5), 774-786.

Goloboff, P. A., & Catalano, S. A. (2011). Phylogenetic morphometrics (II): algorithms for landmark optimization. *Cladistics*, 27(1), 42-51.

Goloboff, P. A., & Catalano, S. A. (2016). TNT version 1.5, including a full implementation of phylogenetic morphometrics. *Cladistics*, 32(3), 221-238.

Goloboff, P. A., Torres, A., & Arias, J. S. (2018). Weighted parsimony outperforms other methods of phylogenetic inference under models appropriate for morphology. *Cladistics*, 34(4), 407-437.

Goloboff, P. A., Torres, A., & Arias, J. S. (2018). Weighted parsimony outperforms other methods of phylogenetic inference under models appropriate for morphology. *Cladistics*, 34(4), 407-437

Hamilton, A. (2013). *The evolution of phylogenetic systematics* (Vol. 5). Univ of California Press.

Hammer, Ø., & Harper, D. A. (2008). *Paleontological data analysis*. John Wiley & Sons.

Kitching, I. J., Forey, P., Forey, P. L., Humphries, C., & Williams, D. (1998). *Cladistics: the theory and practice of parsimony analysis* (No. 11). Oxford University Press, USA.

MacLeod, N., & Forey, P. L. (Eds.). (2002). *Morphology, shape and phylogeny*. CRC Press

Maddison, W., & Maddison, D. (2007). *Mesquite 2. A modular system for evolutionary analysis*.

McKelvey, B. (1982). *Organizational systematics--taxonomy, evolution, classification*. Univ of California Press.

Morrone, J. J. (2013). *Sistemática. Fundamentos, métodos, aplicaciones*. Facultad de Ciencias, UNAM, Ciudad de México.



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Paul, C. R. C., Joysey, K. A., & Friday, A. E. (1982). The adequacy of the fossil record. Problems of phylogenetic reconstruction. Academic Press, London, 75, 117.

Pellens, R., & Grandcolas, P. (2016). Biodiversity conservation and phylogenetic systematics: preserving our evolutionary heritage in an extinction crisis (p. 390). Springer Nature.

Platnick, N. I. (1979). Philosophy and the transformation of cladistics. Systematic Zoology 28: 537–546.

Ronquist, F., & Huelsenbeck, J. P. (2003). MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics, 19(12), 1572-1574.

Ross, S.M. (2008). A first course in probability theory (p. 545). 8th ed. Pearson.

Scotland, R., & Pennington, R. T. (Eds.). (2000). Homology and systematics: coding characters for phylogenetic analysis. CRC Press.

Smith, A. B. (2009). Systematics and the fossil record: documenting evolutionary patterns. John Wiley & Sons.

Swofford, D. L. (2001). Paup*: Phylogenetic analysis using parsimony (and other methods) 4.0. B5.

Thiele, K. (1993). The holy grail of the perfect character: the cladistic treatment of morphometric data, Cladistics, 9: 275–304.

Wiley, E. O., Brooks, D. R., Seigel-Causey, D., & Funk, V. A. (1991). The compleat cladist: a primer of phylogenetic procedures. Natural History Museum, University of Kansas.

Wiley, E. O., & Lieberman, B. S. (2011). Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematics. John Wiley & Sons.

Williams, D. M., & Forey, P. L. (Eds.). (2004). Milestones in systematics. CRC Press.

Winston, J. E. (1999). Describing species: practical taxonomic procedure for biologists. Columbia University Press.

Bibliografía complementaria

<http://phylonames.org/code/>

<http://zoobank.org/>

<https://www.iczn.org/the-code/the-international-code-of-zoological-nomenclature/the-code-online/>

<https://www.biodiversitylibrary.org/>

<http://phylo.wikidot.com/tntwiki>

<https://morphobank.org/>

<https://www.morphosource.org/>

<https://datadryad.org/stash>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

Sugerencias didácticas:

(marcar con una X la sugerencia didáctica que se utilizará para abordar los temas. Es importante tomar en cuenta que si la actividad tiene horas prácticas en las

Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:

(marcar con una X el mecanismo que se utilizará para evaluar el aprendizaje. Se recomienda que para la evaluación sean tomadas en cuenta las sugerencias didácticas señaladas)



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

<p><i>sugerencias deberá haber herramientas prácticas para el aprendizaje de los temas)</i></p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición oral</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición audiovisual</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Ejercicios dentro de clase</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Ejercicios fuera del aula</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Seminarios</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Lecturas obligatorias</p> <p><input type="checkbox"/> Trabajos de investigación</p> <p><input type="checkbox"/> Prácticas de taller o laboratorio</p> <p><input type="checkbox"/> Prácticas de campo</p> <p><input type="checkbox"/> Otros (<i>indicar cuáles</i>)</p>	<p><input type="checkbox"/> Exámenes parciales</p> <p><input type="checkbox"/> Examen final escrito</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Tareas y trabajos fuera del aula</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición de seminarios por los alumnos</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Participación en clase</p> <p><input type="checkbox"/> Asistencia</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Seminario</p> <p><input type="checkbox"/> Otros (<i>indicar cuáles</i>)</p>
<p>Línea de investigación: Sistemática</p>	
<p>Perfil profesiográfico Formación y experiencia en análisis de datos para el reconocimiento y clasificación de la biodiversidad</p>	



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

INTRODUCCIÓN

Dr. Kleyton Cantalice

1 sección, 2 horas

UNIDAD 1.

Dr. Kleyton Cantalice

4 sesiones. 8 horas

UNIDAD 2.

Dr. Kleyton Cantalice

8 sesiones. 16 horas

UNIDAD 3.

Dr. Kleyton Cantalice

4 sesiones. 8 horas

UNIDAD 4.

Dr. Kleyton Cantalice

3 sesiones 5 horas

Dr. Kleyton Cantalice

3 sesiones. 5 horas

UNIDAD 5.

Dr. Kleyton Cantalice

5 sesiones. 10 horas

UNIDAD 6.

Dr. Kleyton Cantalice

4 sesiones. 8 horas

UNIDAD 7.

Dr. Kleyton Cantalice

4 sesiones. 8 horas