



# TEMARIO

## POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS				
Denominación de la actividad académica (completa): <u>CAPTURA DE SECUENCIAS BLANCO PARA LA RECONSTRUCCION FILOGENETICA</u>				
Clave:	Semestre: 2025-1	Campo de conocimiento: Sistemática	Número de Créditos: 8 créditos	
Carácter <i>Optativa</i>	Horas		Horas por semana	Horas por semestre
	Teóricas 32	Prácticas 32	4	64
Modalidad <i>Curso-taller</i>		Duración del curso <i>Semestral</i>		
<p><b>Seriación indicativa u obligatoria antecedente, si es el caso:</b> Seriación indicativa con Sistemática Molecular. Es altamente recomendable que los estudiantes estén familiarizados con el uso de datos moleculares para la reconstrucción filogenética.</p>				
<p><b>Objetivo general:</b> Introducir a los estudiantes en el diseño, selección y uso de técnicas de captura y enriquecimiento selectivos de regiones genómicas y su uso para la reconstrucción filogenética.</p>				
Temario			Horas	
			Teóricas	Prácticas
<b>Unidad 1</b>			8	0
1. Introducción <ul style="list-style-type: none"> <li>1.1. Genomas               <ul style="list-style-type: none"> <li>1.1.1. El genoma nuclear: tamaño y composición <a href="https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rstb.2014.0331">https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rstb.2014.0331</a></li> </ul> </li> <li>1.2. Regiones naturalmente enriquecidas del genoma               <ul style="list-style-type: none"> <li>1.2.1. Genomas de organelos <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7194472/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7194472/</a> <a href="https://www.researchgate.net/publication/321898615_Plastome_Phylogenetics_30_Years_of_Inferences_Into_Plant_Evolution">https://www.researchgate.net/publication/321898615_Plastome_Phylogenetics_30_Years_of_Inferences_Into_Plant_Evolution</a></li> <li>1.2.2. Cistrón ribosomal</li> </ul> </li> <li>1.3. Métodos de representación reducida del genoma               <ul style="list-style-type: none"> <li>1.3.1. Secuenciación masiva</li> <li>1.3.2. Familia de métodos basados en enzimas de restricción <a href="https://www.molbiolcell.com/2017/04/17/to-radseq-or-not-to-radseq/">https://www.molbiolcell.com/2017/04/17/to-radseq-or-not-to-radseq/</a></li> <li>1.3.3. Captura de secuencias <a href="https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2019.01407/ful">https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2019.01407/ful</a></li> </ul> </li> </ul>				
<b>Unidad 2</b>			10	0



# TEMARIO

## POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

<p>1. Métodos de captura de secuencias blanco</p> <p>1.1. Aproximaciones</p> <p>1.1.1. Sondas</p> <p>1.1.2. Protocolos alternativos</p> <p>1.2. Protocolos de laboratorio y secuenciación</p> <p>1.3. Target Enrichment</p> <p>1.3.1. Exones y regiones adyacentes <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22605266/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22605266/</a></p> <p>1.3.2. Elementos ultraconservados</p> <p>1.3.2.1. Descripción <a href="https://www.ultraconserved.org/">https://www.ultraconserved.org/</a></p> <p>1.3.3. Otros marcadores</p> <p>1.4. Diseño experimental</p> <p>1.4.1. Diseño de sondas <a href="https://phyluce.readthedocs.io/en/stable/tutorial-four.html">https://phyluce.readthedocs.io/en/stable/tutorial-four.html</a> <a href="https://peerj.com/articles/3569/">https://peerj.com/articles/3569/</a> <a href="https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/2041-210X.12988">https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/2041-210X.12988</a></p>		
<p><b>Unidad 3</b></p> <p>1. Protocolos bioinformáticos</p> <p>1.1. Filtrado de datos crudos</p> <p>1.1.1. Reportes de calidad (FastQC)</p> <p>1.1.2. Filtrado de datos (Trimmomatic)</p> <p>1.2. HybPiper <a href="https://github.com/mossmatters/HybPiper">https://github.com/mossmatters/HybPiper</a></p> <p>1.2.1. Phasing</p> <p>1.3. Phyluce <a href="https://phyluce.readthedocs.io/en/latest/">https://phyluce.readthedocs.io/en/latest/</a></p>	0	18
<p><b>Unidad 4</b></p> <p>1. Minado de regiones naturalmente enriquecidas <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22174336/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22174336/</a></p> <p>1.1. Ensamble</p> <p>1.1.1. GetOrganelle, NovoPlasty, Spades</p> <p>1.2. Anotación</p> <p>1.2.1. Mitos, Chlorobox/Chloroplot, Iroscope, Geneious</p>	0	10
<p><b>Unidad 5</b></p> <p>1. Análisis filogenéticos</p> <p>1.1. Matrices</p> <p>1.1.1. Alineamiento</p> <p>1.1.2. Concatenación</p> <p>1.1.3. Modelos de sustitución y estrategias de partición</p> <p>1.1.4. Limpieza de los alineamientos</p> <p>1.1.5. Análisis particionado de matrices concatenadas</p> <p>1.2. Árboles de genes- Árboles de especies</p> <p>1.3. Fechamiento filogenómico</p> <p>1.3.1. Estrategias de submuestreo</p> <p>1.3.2. BEAST 2</p>	4	14
<b>Total de horas teóricas</b>	22	
<b>Total de horas prácticas</b>		42
<b>Suma total de horas</b>		64



<i>(debe coincidir con el total de horas al semestre)</i>		
<p><b>Bibliografía básica</b></p> <p>Faircloth, B. C., Branstetter, M. G., White, N. D., &amp; Brady, S. G. (2015). Target enrichment of ultraconserved elements from arthropods provides a genomic perspective on relationships among Hymenoptera. <i>Molecular ecology resources</i>, 15(3), 489-501.</p> <p>Lemmon, A. R., Emme, S. A., &amp; Lemmon, E. M. (2012). Anchored hybrid enrichment for massively high throughput phylogenomics. <i>Systematic Biology</i>, 61(5), 727-744.</p>		
<p><b>Bibliografía complementaria</b></p> <p>Ahituv, N., Zhu, Y., Visel, A., Holt, A., Afzal, V., Pennacchio, L. A., &amp; Rubin, E. M. (2007). Deletion of ultraconserved elements yields viable mice. <i>PLoS Biol</i>, 5(9), e234.</p> <p>Andermann, T., Fernandes, A. M., Olsson, U., Töpel, M., Pfeil, B., Oxelman, B., ... &amp; Antonelli, A. (2019). Allele phasing greatly improves the phylogenetic utility of ultraconserved elements. <i>Systematic Biology</i>, 68(1), 32-46.</p> <p>Anil, A., Spalinskas, R., Åkerborg, Ö., &amp; Sahlén, P. (2018). HiCapTools: a software suite for probe design and proximity detection for targeted chromosome conformation capture applications. <i>Bioinformatics</i>, 34(4), 675-677.</p> <p>Bejerano, G., Pheasant, M., Makunin, I., Stephen, S., Kent, W. J., Mattick, J. S., &amp; Haussler, D. (2004). Ultraconserved elements in the human genome. <i>Science</i>, 304(5675), 1321-1325.</p> <p>de Vienne, D. M., Ollier, S., &amp; Aguilera, G. (2012). Phylo-MCOA: a fast and efficient method to detect outlier genes and species in phylogenomics using multiple co-inertia analysis. <i>Molecular Biology and Evolution</i>, 29(6), 1587-1598.</p> <p>Dierckxsens, N., Mardulyn, P., &amp; Smits, G. (2017). NOVOPlasty: de novo assembly of organelle genomes from whole genome data. <i>Nucleic acids research</i>, 45(4), e18-e18.</p> <p>Dierckxsens, N., Mardulyn, P., &amp; Smits, G. (2020). Unraveling heteroplasmy patterns with NOVOPlasty. <i>NAR Genomics and Bioinformatics</i>, 2(1), lqz011.</p> <p>Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., &amp; Rambaut, A. (2012). Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. <i>Molecular biology and evolution</i>, 29(8), 1969-1973.</p> <p>Faircloth, B. C. (2016). PHYLUCES is a software package for the analysis of conserved genomic loci. <i>Bioinformatics</i>, 32(5), 786-788.</p> <p>Fér, T., &amp; Schmickl, R. E. (2018). HybPhyloMaker: Target enrichment data analysis from raw reads to species trees. <i>Evolutionary Bioinformatics</i>, 14, 1176934317742613.</p> <p>Granados Mendoza, C., Jost, M., Hágsater, E., Magallón, S., van den Berg, C., Lemmon, E. M., ... &amp; Wanke, S. (2020). Target Nuclear and Off-Target Plastid Hybrid Enrichment Data Inform a Range of Evolutionary Depths in the Orchid Genus <i>Epidendrum</i>. <i>Frontiers in plant science</i>, 10, 1761.</p>		



Hahn, C., Bachmann, L., & Chevreux, B. (2013). Reconstructing mitochondrial genomes directly from genomic next-generation sequencing reads—a baiting and iterative mapping approach. *Nucleic acids research*, 41(13), e129-e129.

Hamilton, C. A., Lemmon, A. R., Lemmon, E. M., & Bond, J. E. (2016). Expanding anchored hybrid enrichment to resolve both deep and shallow relationships within the spider tree of life. *BMC Evolutionary Biology*, 16(1), 212.

Jin, J. J., Yu, W. B., Yang, J. B., Song, Y., Depamphilis, C. W., Yi, T. S., & Li, D. Z. (2020). GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome biology*, 21(1), 1-31.

Johnson, M. G., Gardner, E. M., Liu, Y., Medina, R., Goffinet, B., Shaw, A. J., ... & Wickett, N. J. (2016). HybPiper: Extracting coding sequence and introns for phylogenetics from high-throughput sequencing reads using target enrichment. *Applications in plant sciences*, 4(7), 1600016.

Kates, H. R., Johnson, M. G., Gardner, E. M., Zerega, N. J., & Wickett, N. J. (2018). Allele phasing has minimal impact on phylogenetic reconstruction from targeted nuclear gene sequences in a case study of *Artocarpus*. *American journal of botany*, 105(3), 404-416.

Martin, M., Patterson, M., Garg, S., Fischer, S., Pisanti, N., Klau, G. W., ... & Marschall, T. (2016). WhatsHap: fast and accurate read-based phasing. *BioRxiv*, 085050.

Mayer, C., Sann, M., Donath, A., Meixner, M., Podsiadlowski, L., Peters, R. S., ... & Misof, B. (2016). BaitFisher: a software package for multispecies target DNA enrichment probe design. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1875-1886.

Shakya, M., Ahmed, S. A., Davenport, K. W., Flynn, M. C., Lo, C. C., & Chain, P. S. (2020). Standardized phylogenetic and molecular evolutionary analysis applied to species across the microbial tree of life. *Scientific reports*, 10(1), 1-15.

Shaw, T. I., Ruan, Z., Glenn, T. C., & Liu, L. (2013). STRAW: species TRee analysis web server. *Nucleic acids research*, 41(W1), W238-W241.

Young, A. D., & Gillung, J. P. (2020). Phylogenomics—principles, opportunities and pitfalls of big-data phylogenetics. *Systematic Entomology*, 45(2), 225-247.

Zhang, C., Rabiee, M., Sayyari, E., & Mirarab, S. (2018). ASTRAL-III: polynomial time species tree reconstruction from partially resolved gene trees. *BMC bioinformatics*, 19(6), 153.

Zhu, Q. (2017). BeforePhylo. P1 version 0.9.0 available from: <https://github.com/qiyunzhu/BeforePhylo>. Accessed, 12

Portik, D. M., Smith, L. L., & Bi, K. (2016). An evaluation of transcriptome-based exon capture for frog phylogenomics across multiple scales of divergence (Class: Amphibia, Order: Anura). *Molecular ecology resources*.

Quail, Michael A., Miriam Smith, Paul Coupland, Thomas D. Otto, Simon R. Harris, Thomas R. Connor, Anna Bertoni, Harold P. Swerdlow, and Yong Gu. "A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers." *BMC genomics* 13, no. 1 (2012): 1.





# TEMARIO

## POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Schuster, Stephan C. "Next-generation sequencing transforms today's biology." Nature 200, no. 8 (2007): 16-18.

Wen, Jun, Ashley N. Egan, Rebecca B. Dikow, and Elizabeth A. Zimmer. "Utility of transcriptome sequencing for phylogenetic inference and character evolution." Regnum Vegetabile (2015).

Yuan, H., Jiang, J., Jiménez, F. A., Hoberg, E. P., Cook, J. A., Galbreath, K. E., & Li, C. (2016). Target gene enrichment in the cyclophyllidean cestodes, the most diverse group of tapeworms. Molecular ecology resources.

### 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 sugerencias deberá haber herramientas prácticas para el aprendizaje de los temas)*

- Exposición oral
- Exposición audiovisual
- Ejercicios dentro de clase
- Ejercicios fuera del aula
- Seminarios
- Lecturas obligatorias
- Trabajos de investigación
- Prácticas de taller o laboratorio
- Prácticas de campo
- Otros *(indicar cuáles)*

### 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)*

- Exámenes parciales
- Examen final escrito
- Tareas y trabajos fuera del aula
- Exposición de seminarios por los alumnos
- Participación en clase
- Asistencia
- Seminario
- Otros *(indicar cuáles)*

### Línea de investigación:

Línea de investigación:

Sistemática molecular

Genómica

### Perfil profesiográfico

Se requiere el conocimiento y manejo de herramientas bioinformáticas para la generación, procesamiento y análisis de datos de captura de secuencias.