



# FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

## PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE

### PROGRAMA DE DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS MENCIÓN ECOLOGÍA

CURSO	: RECONSTRCCION FILOGENETICA Y METODO COMPARADO
SIGLA	: BIO4025
CREDITOS	: 5
MODULOS	: 3
CARÁCTER	: Optativo
TIPO	: Cátedra
CALIFICACIÓN	: Estándar

#### I.- DESCRIPCIÓN

El curso está orientado a estudiantes de postgrado que requieren usar análisis filogenéticos, tanto para la construcción de hipótesis filogenéticas basadas en datos moleculares, como para indagar sobre procesos evolutivos. El curso contempla la realización de sesiones teóricas, donde se discutirán los principales conceptos y metodologías asociadas a la inferencia filogenética y método comparado. Incluye además sesiones prácticas, donde el alumno podrá familiarizarse con las metodologías y programas más relevantes. El curso culmina con la realización de un proyecto donde los alumnos deberán analizar datos propios o provenientes de una fuente pública.

#### II.- RESULTADOS DE APRENDIZAJE

- Inferir relaciones de parentesco de un grupo de organismos en base a datos moleculares usando distintos tipos de algoritmos
- Utilizar hipótesis filogenéticas para inferir procesos y patrones evolutivos en un linaje o en una comunidad
- Plantear y ejecutar un proyecto de investigación para poner a prueba sus hipótesis de trabajo
- Exponer en forma clara, lógica y precisa los aspectos principales de su proyecto de investigación

### III.- CONTENIDOS

- Introducción a la inferencia filogenética
- Reloj molecular y teoría neutralista
- Uso de marcadores moleculares en filogenia
- Métodos de codificación y alineamiento de secuencias de ADN
- Análisis de parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana. Ventajas y limitaciones
- Métodos estadísticos para la evaluación de hipótesis filogenéticas
- Datación de árboles filogenéticos
- Introducción al método comparado
- Modelos de evolución fenotípica
- Reconstrucción de historia evolutiva de caracteres continuos y discretos
- Contrastes filogenéticamente independientes y regresiones filogenéticas
- Tasas de Diversificación y Patrones evolutivos

### IV.- METODOLOGÍA

- Clases teóricas
- Talleres: Se analizarán datos moleculares y fenotípicos usando distintos programas (MEGA, MrBayes, BEAST, R-Paquetes: ape, geiger, phytools, phangorn, adegenet)

### V.- EVALUACIÓN

Al final del curso el alumno deberá presentar un trabajo de investigación donde aplique metodología de reconstrucción filogenética y método comparado, basado en datos propios u obtenidos de otra fuente.

### VI.- BIBLIOGRAFÍA

- Felsenstein J. 1985. Phylogenies and the comparative method. *Am Nat* 125: 1-15.
- Felsenstein J. 2004. *Inferring phylogenies*, Sunderland: Sinauer Associates.
- Garland T, Harvey PH, Ives AR. 1992. Procedures for the analysis of comparative data using phylogenetically independent contrasts. *Syst Biol* 41: 18-31.
- Lemey P, Salemy M, Vandamme AM. 2010. *The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Martins EP, Hansen TF. 1997. Phylogenies and the comparative method: A general approach to incorporating phylogenetic information into analysis of interspecific data. *Am Nat* 149: 646-667.
- Nee S. 2006. Birth-Death Models in Macroevolution. *Annu Rev Ecol Evol Syst* 37: 1-17.
- Nei M, Kuma S. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford: University Press
- Paradis E. 2012. *Analysis of Phylogenetics and Evolution with R (Second Edition)*, New York: Springer.
- Pagel M. 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature* 401: 877-884.

- Sanderson M J, Donoghue M J. 1996. Reconstructing shifts in diversification rates on phylogenetic trees. TREE 11: 15-20.
- Pagel M. 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. Nature (Lond) 401(6756): 877-884.
- Sanderson, M.J. & Donoghue, M.J., 1996. Reconstructing shifts in diversification rates on phylogenetic trees. Trends in Ecology and Evolution, 11(1), p.15-20.