|  |  |
| --- | --- |
| Nombre del curso (o seminario) | **PROCESOS EVOLUTIVOS**  **Principios de la reconstrucción filogenética** |
| Profesor(es) coordinador(es) | **Marco Méndez** |
| Profesores colaboradores | Christian Ibañez  Gonzalo Collado |
| Descripción (máximo 200 palabras) | Curso destinado a: Estudiantes de postgrado del Programa Biología Evolutiva, estudiantes de otros programas de postgrado.  Objetivo: Dar a los estudiantes una visión actualizada de la teoría y práctica de la Sistemática Filogenética  De acuerdo a lo anterior los alumnos al final del curso deben ser capaces de:   1. Comprender los principios básicos relacionados con los análisis filogenéticos. 2. Aplicar estos principios en la construcción de árboles filogenéticos . 3. Exponer y analizar en forma crítica estudios publicados en la literatura reciente en torno a Filogenia y Sistemática evolutiva |
| Requisitos  (si los hay) |  |
| Carga horario (horas a la semana de clases) | 2-4 |
| Duración del curso (semanas) | 10 semanas |
| Periodicidad  ¿Anual, bi-anual, esporádico? (indique ultimo año dictado); ¿sujeto a mínimo de inscritos? (n) | ANUAL  Ultima vez dictado 2013. |
| Semestre (bimestre) en el cual se ofrece | II SEMESTRE |
| Métodos de evaluación (indicando porcentajes) | El curso comprende: Clases teóricas, seminarios bibliográficos, trabajos prácticos, controles semanales de lectura, entrega de un informe final. La ponderación por actividad es la siguiente:  Seminarios 20 %.  Controles semanales (lecturas) 10%  Informes (de pasos prácticos y tareas) 30 %.  Trabajo Final 40%.  Informe final : Elaborar un Informe de investigación utilizando datos de la literatura o generando una matriz propia de caracteres morfológicos y/o moleculares en su grupo de interés, en el que Ud. aplique los conocimientos impartidos. |
| Programa (indicando temario de clases) | MODULO I: Conceptos básicos de la reconstrucción filogenética (Construcción de árboles).  4 sesiones: 1 Clase Introducción, 2 seminarios. 1paso práctico  Sesión 1  INTRODUCCIÓN: Biología Evolutiva, Sistemática y Filogenia (perspectiva histórica). Importancia de los estudios de filogenia y del Método Comparativo.  TERMINOS Y CONCEPTOS: Definición de relación, tipos de caracteres, Homología, parsimonia y reglas básicas de análisis.  Sesión 2 (Seminario 1)  ARGUMENTACIÓN DE CARACTERES Y CODIFICACIÓN DE CARACTERES: Método del outgroup: decisiones de polaridad, codificación de caracteres, tipos de caracteres, selección de caracteres para el análisis de parsimonia.  Sesión 3 (Seminario 2)  CONSTRUCCIÓN DE ÁRBOLES , OPTIMIZACIÓN Y COMPARACIÓN DE ÁRBOLES : Argumentación de Hennig, Algoritmos de Optimización, criterio de Parsimonia, búsquedas de árboles Heurística y exhaustiva, Largo del Cladograma, Índice de Consistencia, índice de Retención. Árboles de consenso.  Sesión 4 (Paso Práctico 1)  PRACTICO 1: Uso de programas computacionales para la construcción de árboles filogenéticos.  1) Uso de programas de filogenia: PAUP, MEGA en la elaboración de hipótesis filogéneticas.  Informe de actividad práctica.  MODULO II: Estrategias de Análisis de Caracteres Morfológicos y Moleculares:  7 sesiones: 5 sesiones clases, 1 práctico, 1 taller  Sesión 5 ANALISIS DE CARACTERES MORFOLOGICOS Y PARSIMONIA: Selección de caracteres morfológicos: aspectos metodológicos. Análisis de caracteres cualitativos (cromosómicos, osteológicos y de la morfología externa) y caracteres cuantitativos (morfometría).  Sesión 6 SOPORTE Y CONFIANZA ESTADÍSTICA PARA CLADOGRAMAS Y GRUPOS: Procedimientos de aleatorización (DCL, PTL); Soporte de clados individuales (Bremmer support, Bootstrap, Jackknife  Sesión 7  ANALISIS DE CARACTERES MOLECULARES: Moléculas versus caracteres morfológicos: artefactos y creencias. Similaridad de secuencias, homología y alineamiento, probabilidades y modelos probabilísticos  Sesión 8  MÉTODOS DE CONSTRUCCIÓN DE ÁRBOLES Y CARACTERES MOLECULARES: Métodos de Parsimonia (repaso), de Distancia (Neighbor-Joining) y Probabilísticos (Likelihood e Inferencia Bayesiana). Modelos de Sustitución Nucleotídica.  Sesión 9  Seminario  ANÁLISIS SIMULTÁNEO Y PARTICIONADO DE MATRICES DE DATOS: Análisis de Congruencia taxonómica, Análisis Simultáneo, y de Probabilidad Condicional.  Sesión 10: Paso Práctico  PRÁCTICO 2: Construcción de una hipótesis filogenética utilizando caracteres moleculares.  Uso de programas de alineamiento: CLUSTALX, 2) Análisis de matrices de datos usando métodos de distancia y probabilísticos, uso de programas MEGA, PAUP, PUZZLE; 3) Análisis de matrices de datos de caracteres morfológicos y moleculares: criterios de combinación de matrices usando Parsimonia. y el Análisis de Likelihood.  Entrega Informe de actividades prácticas  Sesión 11.  MODULO III: Aplicaciones de la Sistemática Filogenética:  Sesión 12 (Seminario 3) PRINCIPIOS DE CLASIFICACION: Taxonomía y sistemática, Escuelas de clasificación. Clasificación natural, Descripciones de especies, Evaluación de clasificaciones existentes.  Estudios de casos.  Sesión 13  MÉTODO COMPARATIVO (EVOLUCIÓN DE CARACTERES)  Mapeo de caracteres en la filogenia. Reconstrucción de estados ancestrales usando Parsimonia lineal y Likelihood, método de los contrastes independientes  Sesión 14  Estudios de casos (Evolución de la comunicación acústica en anfibios)  Sesión 15  PASO PRÁCTICO (Demostración): Método comparado   1. Reconstrucción de estados ancestrales usando los programas MESQUITE y COMPARE en distintas matrices de datos de la literatura reciente 2. Sesión 16   BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA: CLADOGRAMAS DE ÁREA  Análisis de casos  Sesión 17  PRESENTACIONES ENTREGA DE INFORME FINAL DE CURSO. |
| Bibliografía | Artículos y revisiones actualizados año a año |