

Tipo de actividad : Curso de Posgrado

Nombre de la actividad : **SISTEMÁTICA MOLECULAR: CURSO TEÓRICO PRÁCTICO**

08 al 12 de abril 2019. Universidad Nacional de La Pampa, La Pampa, Argentina

Docente: Dr. Alejandro Zaldívar Riverón, Investigador Titular B de tiempo completo, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México

Fundamentación: En la actualidad, el uso de evidencias moleculares se ha vuelto indispensable para comprender la historia evolutiva y las relaciones de parentesco entre numerosos linajes de organismos. El presente curso brindará herramientas para el análisis de datos moleculares en estudios filogenéticos, desde la edición de secuencias y métodos de alineamiento para interpretar correctamente homologías, hasta métodos de reconstrucción filogenética con especial énfasis en inferencias bayesianas. También incluirá aspectos relativos a las técnicas de secuenciación de nueva generación y la reconstrucción de mitogenomas. Los conceptos abarcados por el presente curso son fundamentales para cualquier análisis filogenético moderno con base en evidencias moleculares.

Objetivos

- Comprender los conceptos básicos en sistemática molecular y reconstrucción filogenética.
- Conocer los pasos principales para la edición y alineamiento de secuencias de DNA.
- Conocer los principales métodos filogenéticos para el análisis de secuencias de DNA.
- Aprender a usar los principales programas para la edición, alineamiento y análisis de datos moleculares.

Arancel: Docentes y Graduados de la UNLPam, gratuito. Otros participantes: \$2500

Modalidad: Presencial

Programa: **Lunes 08 de abril.**

- a) Conceptos básicos en sistemática: sistemática, taxonomía, taxón, homología, homoplasia, convergencia, estados de carácter, sinapomorfía, plesiomorfía, autapomorfía, árboles filogenéticos, rama, nodo, raíz, homología primaria, homología secundaria, polarización de caracteres, apomorfía, plesiomorfía, autapomorfía.
- b) Escuelas en sistemática Métodos en reconstrucción filogenética: métodos de distancias, método de parsimonia, métodos probabilísticos. Semejanzas y diferencias entre métodos.

- c) Conceptos en evolución molecular: nucleótidos, aminoácidos, posición nucleotídica, transversión, transición, saturación, sustitución, sustitución sinónima y no sinónima, separación incompleta de linajes, modelos de evolución, parámetros de modelos de evolución, inserciones, deleciones, ortólogo, parólogo.
- d) Pasos para la reconstrucción filogenética con secuencias de DNA: obtención y edición de secuencias, alineamiento, reconstrucción filogenética, interpretación de datos.
- e) Bancos de datos de secuencias de DNA: GenBank, BLAST. Ejercicio: descargar secuencias para prácticas subsecuentes.

- **Martes 9.**

- a) Obtención de secuencias de DNA: principios del Método Sanger. Cromatogramas.
- b) Edición de secuencias de DNA: Visualización y calidad de cromatogramas. Código de ambigüedad nucleotídica.
- c) Práctica 1: uso de programas para edición de secuencias (Geneious, PAUP).
- d) Práctica 2: uso de programas para edición de secuencias (continuación).
- e) Alineamiento de secuencias de DNA. Principios. Inserciones y deleciones (gaps). Genes codificantes y no codificantes. Alineamiento manual. Estructura secundaria: “loops”, “stems”.
- f) Practica 3: alineamiento de secuencias de DNA con programas. ClustalX (implementado en el programa MEGA), Geneious.

- **Miércoles 10.**

- a) Practica 1: alineamiento de secuencias de DNA con programas (continuación).
- b) Control de calidad de secuencias. Pseudogenes (*numts*). Revisión de codones de paro interno, relaciones incorrectas. *Paleonumts*. *Neonumts*. Ejemplos.
- c) Modelos de evolución de secuencias.
- d) Práctica 2: uso del programa PartitionFinder. jMODELTEST.
- e) Métodos de distancias y Maximum Likelihood. Principios. Programa PAUP.
- f) Uso de plataformas para análisis de datos: CIPRESS.
- a) **Jueves 11.** Método de inferencia Bayesiana. Principios básicos.
- b) Práctica 3: uso del programa MrBayes. Parámetros.
- c) Reconstrucción de filograma. Convergencia de corridas. Burn-in.
- d) Práctica 4: uso del programa TRACER para determinar Burn-in. Determinar SSE.

- e) Estimación de tiempos de divergencia. Reloj Molecular. Reloj molecular relajado. Principios básicos. Árbol ultramétrico. Calibración del reloj molecular. Uso de fósiles, tasas de sustitución nucleotídica.
- f) Práctica 5: uso del programa BEAST y BEAUTi.
 - **Viernes 12.**
 - a) Técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS). Principios. Plataformas: Illumina, Ion Torrent, 454.
 - b) Técnicas de representación reducida del genoma (secuenciación “shotgun”, RADseq, elementos ultraconservados).
 - c) Reconstrucción de mitogenomas. Principios. Características del mitogenoma. Aplicaciones.
 - d) Práctica 6: Ensamble de mitogenomas (programa Geneious). Análisis con información mitogenómica.

Bibliografía

- Hall, B. G. 2011. *Phylogenetic trees made easy: a how-to manual*. Fourth edition. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 255 p.
- Lemey, P., Salemi, M., A. M. Vandamme (eds.). 2012. *The Phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. Cambridge, Cambridge University Press, 406 p.
- Morrone, J. J. 2013. Fundamentos de sistemática. 1ª. edición. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad de México, México, 505 p.
- Queiroz de, K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology* 56: 879-886.
- Metzker, Michael L. 2010. Sequencing technologies—the next generation. *Nature reviews genetics* 11: 31-46.
- Quail, Michael A., Miriam Smith, Paul Coupland, Thomas D. Otto, Simon R. Harris, Thomas R. Connor, Anna Bertoni, Harold P. Swerdlow, Yong Gu. 2012. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers." *BMC genomics* 13: 341.
- Song, H., Moulton, M.J. and Whiting, M.F. 2014. Rampant nuclear insertion of mtDNA across diverse lineages within Orthoptera (Insecta) *PLoS ONE* 9: e110508.

Links para descargar programas

1. BEAST. <http://beast.community/programs>.

2. GENEIOUS. <https://www.geneious.com/>. (Licencia gratuita por 15 días, descargar un día antes del curso).
3. MESQUITE. <https://www.mesquiteproject.org/>.
4. MRBAYES. <http://mrbayes.sourceforge.net/>.
5. PARTITIONFINDER. <http://www.robertlanfear.com/partitionfinder/>.
6. PAUP*. <https://paup.phylosolutions.com/>.
7. MEGA. <https://www.megasoftware.net/>

Carga horaria: 45 hs., 30 hs presenciales, 15 hs. de lectura de bibliografía específica y preparación del trabajo final.

Destinatarios : Graduados de Licenciatura en Ciencia Biológicas y Carreras afines

Cupo: 15 participantes

Asistir con una computadora tipo “laptop” y descargar los siguientes programas la semana anterior al curso (ver links al final del programa)

1. MEGA (gratis; PC, Mac).
2. GENEIOUS
3. PAUP (gratis).
4. MrBayes (gratis).
5. BEAST (gratis; BEAUTi, TRACER).
6. PartitionFinder (gratis).
7. Mesquite

Requisitos de aprobación: Asistencia y Presentación y exposición de Trabajo Final