

Programa aprobado por Resolución (CD) N° 2337/07, Expte. N° 490.467.



Universidad de Buenos Aires

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Departamento de Ciencias Biológicas

Int. Güiraldes 2620
 Ciudad Universitaria - Pab. II, 4° Piso
 CP:1428 Nuñez, Ciudad Autónoma de Buenos Aires
 Argentina
 : <http://www.bg.fcen.uba.ar>

EGE

Carrera: Licenciatura en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 05
	Código de la materia: 7-

Sistemática Teórica

CARÁCTER:	[SI / NO]
Curso obligatorio de licenciatura (plan 1984)	NO
Curso optativo de licenciatura (plan 1984)	SI

Duración de la materia:	16 Semanas	Cuatrimestre en que dicta:	2	Cuatrimestre
Frecuencia en que se dicta:	<i>Anualmente</i>			

Horas de clases semanales:	Discriminado por:	Hs.
	Teóricas	5
	Problemas	--
	Laboratorios	3
	Seminarios	2
Carga horaria semanal:		10
Carga horaria total cuatrimestral:		160

Asignaturas correlativas:	Genética I
Forma de Evaluación:	2 Parciales y Final. Optativo: promoción sin final para promedio entre los dos parciales superior a 65/100

Profesor/a a cargo:	Confalonieri, Viviana	Fecha: / /
Firma:		

SISTEMATICA TEORICA

Objetivos del curso:

- 1) Comprender los fundamentos lógicos, epistemológicos y metodológicos que subyacen al análisis y síntesis de la información utilizada con el propósito de esclarecer las relaciones de parentesco entre los organismos.
- 2) Comprender los principios evolutivos que subyacen a la elaboración de los algoritmos utilizados en reconstrucciones filogenéticas.
- 3) Destacar la importancia de los estudios sobre la diversidad y las relaciones de parentesco de los organismos en la biología contemporánea.
- 4) Aprender a utilizar las herramientas informáticas más comúnmente usadas para la construcción de árboles.

Programa

Unidad 1. Sistemática Biológica: generalidades y conceptos básicos.

Disciplinas relacionadas con la clasificación. Historia de la clasificación de los organismos. Jerarquía Linneana, taxones y categorías taxonómicas. Síntesis de las ideas sobre clasificación: La taxonomía Fenética, la Taxonomía Evolutiva y la Sistemática Filogenética. Etapas de un estudio sistemático: Búsqueda bibliográfica, Obtención e identificación de los especímenes en estudio. Selección y registro de caracteres. Análisis de los caracteres, interpretación de resultados y adopción de decisiones taxonómicas. Planteo de hipótesis.

Unidad 2. La especie como unidad fundamental de la sistemática y de la clasificación biológica.

Estatus ontológico de la especie. Realismo idealista. Realismo evolutivo y Nominalismo. Conceptos de especie. Morfológico. Paleontológico. Fenético. Biológico o de aislamiento reproductivo. Evolutivo. Cohesivo. Filogenético. Autoapomórfico. Monofilético. Cronoespecies. Especies agámicas y especies partenogenéticas. Tipos de especies. Variaciones infraespecíficas. Variaciones intrapoblacionales.

Unidad 3. Introducción al análisis cladístico.

Objetivos de la cladística. El concepto Hennigniano. Caracteres plesiomórficos y apomórficos. Sinapomorfias y autoapomorfias. El principio de Parsimonia. Longitud de los cladogramas. Caracteres congruentes, consistentes y homoplásicos. Grupos monofiléticos, Polifiléticos y parafiléticos. Congruencia de caracteres y homología. Homoplasias: convergencias, paralelismos y reversiones. Distinción entre cladogramas y árboles evolutivos. Terminología de árboles. Árboles con raíz y sin raíz.

Unidad 4. Caracteres y codificación.

Definición de carácter taxonómico. Clasificación de caracteres según sus fuentes: Morfológicos, Fisiológicos, Cromosómicos, Proteicos, Moleculares, Ecológicos,

Etológicos, Biogeográficos. Caracteres y estados de los caracteres. Caracteres binarios y multiestado. Caracteres discretos y continuos. Homologías, analogías. El criterio de similitud y la congruencia de caracteres: homologías primarias y secundarias. Codificación de caracteres. Ventajas y desventajas de los distintos métodos de codificación. Caracteres faltantes e inaplicables. Transformación entre caracteres: orden y polaridad.

Unidad 5. Construcción de cladogramas.

Construcción en base a apomorfias compartidas: Argumentación Hennigniana o regla de la inclusión/exclusión. y Árboles de Wagner. Problemas de los árboles de Wagner. Métodos exactos: Búsqueda Exhaustiva y Búsqueda "Branch and Bound". Métodos heurísticos. El problema de las islas. Árboles óptimos locales y globales. Adición por pasos. Permutación de ramas. Métodos NNI, SPR y TBR. Polaridad de los caracteres y enraizamiento. Determinación de la polaridad "a priori" y "a posteriori". La comparación con el grupo externo. El criterio ontogenético y otros métodos de polarización "a priori". Polaridad y enraizamiento "a posteriori". Programas de Computación en cladística: NONA, TNT, PAUP, WINCLADA y otros.

Unidad 6. Optimización, medidas de ajuste y pesado de caracteres

Criterios de optimización. Parsimonia de Wagner o de Farris. Parsimonia de Fitch. Parsimonia de Dollo. Optimización de caracteres (fast, slow y unambiguos). Medidas de ajuste de los caracteres: longitud del cladograma; índice de consistencia; índice de retención; índice de consistencia reescalado. Pesado de caracteres: "a priori" y "a posteriori". Pesado "a priori" en caracteres moleculares: entre posiciones y dentro de cada posición. uniforme y no uniforme. El caso del gen ADNr 18s: distribución y frecuencia de deleciones e inserciones; "stems", loops y cambios compensatorios de bases; dominios variables y dominios conservados. Desvíos en tasas de transición y transversión. Pesado "a posteriori": Pesado sucesivo y Pesos implicados.

Unidad 7: Consenso y medidas de soporte

Consenso estricto. Consenso de componentes combinables. Consenso de Adam. Consenso de Mayoría. Problemas de los árboles de consenso. Soportes a nivel de todo el árbol. Distribución de la longitud de los cladogramas. PTP. Soportes a nivel de ramas individuales. Largo de rama. Soporte de Bremer. Procesos de aleatorización para medir soporte de ramas. Método "bootstrap" y "Jackknifing". Ventajas y desventajas de ambos métodos.

Unidad 8. Filogenias moleculares: elección de la fuente de caracteres.

Variabilidad de secuencias y rango taxonómico a analizar. Cloroplastos: análisis por sitios de restricción y por secuenciación. Rearreglos estructurales de cloroplastos y sus implicancias en el análisis filogenético. Genes de cloroplastos y rango taxonómico de utilidad: rbcL, atpB, matK, mdhF, 16rDNA, región espaciadora atp-rbcL. Secuencias nucleares y su rango taxonómico de utilidad: genes ribosomales ADNr18s, ADNr26s, ADNr5.8s, ITS, IGS, 5s y genes espaciadores. Otros genes nucleares. Genes mitocondriales.

Unidad 9. Filogenias moleculares y el concepto de homología.

Árboles de genes y árboles de especies. Homologías y duplicaciones. Genes ortólogos y genes parálogos. Homología y poliploidía. Hibridación e introgresión. Homología y recombinación genética. Tipos de alineación. Alineación global y local. Alineación visual. Métodos de alineación por matrices de punto y por similitud. Método de Alineación dinámico de Needleman y Wunsch. Parámetros de penalidad de apertura y extensión de "gaps". Los "gaps" como caracteres filogenéticos. Alineamientos estáticos vs. Alineamientos dinámicos: método de optimización directa. Programas informáticos.

Unidad 10: Hipótesis filogenéticas conflictivas:

Evaluación de árboles a partir de distintas fuentes de caracteres: métodos combinados, de consenso y de combinación. Congruencia Topológica y congruencia de caracteres. Mediciones cuantitativas de la incongruencia entre árboles. Significación estadística. Causas de conflicto. Genes ortólogos y parálogos. Tasas heterogéneas entre taxa y entre sitios. Composición de bases sesgadas. Causas de origen orgánico: evolución morfológica convergente. Transferencia horizontal.

Unidad 11: Otros métodos de construcción de árboles.

Modelos de evolución molecular: modelo de Jukes-Cantor, K2P, F81, HKY85 y GTR. Construcción de árboles a partir de matrices de distancias. Análisis de agrupamiento. UPGMA y Neighbor-Joining. Máxima verosimilitud y Análisis Bayesiano. Comparación de los distintos métodos. Programas informáticos.

Unidad 12: Cladística, clasificación y decisiones taxonómicas:

Taxones Mono, Para y Polifiléticos. Naturaleza de los taxones superiores. Ventajas y desventajas de la clasificación cladística. Principales convenciones para transformar un cladograma en una clasificación cladística: Subordinación y Secuenciación

Unidad 13: Análisis filogeográfico

Definición de análisis filogeográfico. Marcadores utilizados en estudios filogeográficos. Haplotipos mitocondriales y herencia matrilineal. Marco teórico del análisis filogeográfico: Distribución de linajes o "lineage sorting" y Teoría de la coalescencia. Cladismo y filogeografía. Análisis estadístico de los resultados: método de Templeton. Aplicaciones del análisis filogeográfico. Filogeografía comparada y biodiversidad.

Unidad 14: Otras aplicaciones del análisis filogenético

Biogeografía histórica: Dispersión-vicariancia. Biogeografía cladística. Análisis de parsimonia de Brooks. Cladística y su aplicación en coevolución. Árboles reconciliados. Aportes de la sistemática a la conservación de la biodiversidad. Estimaciones de la diversidad. Medidas filogenéticas de diversidad.

Bibliografía:

- Crisci, J.V. y Katinas, L. 1997. La filogenia frente a la justicia. *Ciencia Hoy* 8 (43): 28-35.
- Giribet, G., 2001. Exploring the Behavior of POY, a Program for Direct Optimization of Molecular Data. *Cladistics* 17: 560-570.
- Gladstein, D.S. & W.C. Wheeler, 1997. POY: the optimization of alignment characters. American Museum of Natural History. New York. Program and documentation available at <ftp://ftp.amnh.org/pub/molecular/poy/>.
- Goloboff, P. A. 1996. Methods for faster parsimony analysis. *Cladistics* 12: 199-220.
- Goloboff, P. A. 1998. NONA v. 1.9. Program and documentation, available at <ftp.unt.edu.ar/pub/parsimony>.
- Goloboff, P. A. 1998. Principios Básicos de Cladística. Buenos Aires. Sociedad Argentina de Botánica. 81 pp.
- Goloboff, P. A., 1994. NONA/Pee-Wee, ver. 1.1. The American Museum of Natural History, New York.
- Goloboff, P. A., 1995. Parsimony and weighting: a reply to Turner and Zandee. *Cladistics* 11: 91-104.
- Goloboff, P.A., J. S. Farris, and K. Nixon. 2003. Tree Analysis Using New Technology Version 1.0 ©
- Graur, D. & W. H. Li, 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hall, B. G., 2001. Phylogenetic Trees Made Easy. A How-To Manual for Molecular Biologists. Sinauer Associates, Inc. Publ., Sunderland, Massachusetts, U.S.A.. 179 pp.
- Higgins, D. G. & P. M. Sharp, 1988. Clustal: A package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene* 73: 237-244.
- Hillis, D. M., C. Moritz & B. Mable (Eds.), 1996. Molecular Systematics. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publ. Sunderland Massachusetts, USA. 655 pp.
- Kitching, I.A., Forey, P.L, Humphries, C.J and Williams, D.M. 1998-2000. Cladistics: The Theory and Practice of Parsimony Analysis. Oxford University Press Inc., New York.
- Lanteri, A. A., y M. M. Cigliano (eds.), 2004. Sistemática Biológica: Fundamentos teóricos y ejercitaciones. Edulp. La Plata, Argentina, 241pp.
- Lanteri, A.A. y Confalonieri, V.A. 2003. Filogeografía: objetivos, métodos y ejemplos. Pp. 185-193. *En: Jorge Llorente Bousquets y Juan José Morrone (eds.). Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía*. Facultad de Ciencias, UNAM, México. ISBN: 950-818-016-1
- Mau, B. & M. Newton, 1997. Phylogenetic inference for binary data on dendrograms using Markov chain Monte Carlo. *J. Comp. Graph. Stat.* 6: 122-131.
- Mau, B., M. Newton & B. Larget, 1999. Bayesian phylogenetic inference via Markov chain Monte Carlo methods. *Biometrics* 55: 1-12.
- Morrone, J. J. 2000. El lenguaje de la cladística. Universidad Autónoma de México. México. 109 pp.

- Nei, M, Kumar, S. y Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Page, R. D. M. & E. C. Holmes, 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd., London, Cambridge. 346 pp.
- Wheeler, W. C., 1996. Optimization alignment: the end of multiple sequence alignment in phylogenetics?. *Cladistics* 12: 1-9.
- Yang, Z., 1994. Statistical properties of the maximum likelihood method of phylogenetic estimation and comparison with distance matrix methods. *Systematic Biology* 43: 329-342.