



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 505.108/17

Buenos Aires, 25 SEP 2017

**VISTO:**

la nota a fojas 28 presentada por la Dra. Irina Izaguirre, Directora del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información y programa del curso de posgrado **SISTEMÁTICA TEÓRICA II: FILOGENIAS MOLECULARES** que será dictado del 10 de octubre al 26 de noviembre de 2017 por el Dr. Martín Ramírez con la colaboración de la Dra. Alexandra Gottlieb y la Dra. Francisca Cunha de Almeida,

la nota a fojas 35 presentada por Dr. Martín Ramírez mediante la cual presta su conformidad para la modificación del nombre del curso, sugerida por la Comisión de Doctorado, que pasará a llamarse **FILOGENIAS MOLECULARES**,

**CONSIDERANDO:**

lo actuado por la Comisión de Doctorado

lo actuado por la Comisión de Posgrado

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración

lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD  
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
RESUELVE:**

Artículo 1°: Aprobar el nuevo curso de posgrado **FILOGENIAS MOLECULARES**, de 98 horas de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **FILOGENIAS MOLECULARES**, obrante a fs 39 a 41 del expediente de la referencia.

Artículo 3°: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

Artículo 4°: Aprobar un arancel de 200 módulos. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección de Movimiento de Fondos (Tesorería), a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Secretaría de Posgrado y a la Biblioteca de la FCEyN, con fotocopia del programa incluida. Cumplido archívese.

RESOLUCION CD N°

2282

SF/gal 28/09/2017

Dr. PABLO J. PAZOS  
Secretario Adjunto de Posgrado  
FCEyN - UBA

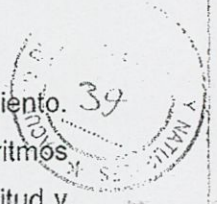
Dr. JUAN CARLOS REBOREDA  
DECANO



CD 2283

**Contenidos mínimos**

Filogenias moleculares. Fuentes de caracteres y concepto de homología. Alineamiento. Modelos probabilísticas de evolución molecular. Modelos de evolución molecular. Algoritmos de distancias. Métodos probabilísticas en reconstrucción filogenética. Máxima verosimilitud y análisis filogenético Bayesiano. Análisis filogenómico. Análisis filogeográfico. Coevolución, biogeografía y ajuste al registro fósil.

**PROGRAMA ANALÍTICO****Unidad 1: 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. 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.

**Unidad 2: Filogenias moleculares y el concepto de homología**

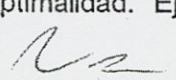
Árboles de genes y árboles de especies. Homologías y duplicaciones. Genes ortólogos y genes parálogos. Homología y poliploidía. Hibridación e introgresión. Homología y recombinación genética. Tipos de alineación. Alineación global y local. Alineación visual. Métodos de alineación por matrices de punto 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. Aplicación de homologías dinámicas en morfología.

**Unidad 3: Modelos probabilísticas de evolución molecular y su aplicación en método de distancia**

Modelos de evolución molecular: modelo de Jukes-Cantor, K2P, F81, HKY85 y GTR. Subestimación por *multiple hits*. Métodos para la elección de un modelo de evolución molecular. Cálculo de tasas de sustitución nucleotídicas y de distancias evolutivas. Construcción de árboles a partir de matrices de distancias. Análisis de agrupamiento. UPGMA y *Neighbor-Joining*.

**Unidad 4: Métodos discretos probabilísticas en reconstrucción filogenética**

Reconstrucción filogenética por máxima verosimilitud. Definición de verosimilitud. Criterio de optimalidad. Ejemplos. Test de relación de verosimilitudes (*likelihood ratio tests*). Reloj

 DIRECTORA  
DPTO. ECOLOGÍA, GENÉTICA Y EVOLUCIÓN



molecular y cálculo de tiempos de divergencia. Test de homogeneidad de tasas entre linajes. Análisis filogenético Bayesiano. Estadística Bayesiana vs. estadística clásica. Teorema de Bayes. Deducción del teorema de Bayes. Probabilidad objetiva vs. probabilidad subjetiva. Probabilidad *a priori* y *a posteriori*. Funciones continuas. Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC). Períodos *burn in* y estacionarios. Requerimientos para la reconstrucción filogenética bayesiana. Comparación de los distintos métodos de reconstrucción filogenética: ventajas y desventajas. Programas informáticos. Análisis en *clusters* remotos.

#### Unidad 5: Análisis filogenómico

Definición de filogenómica. Métodos basados en secuencias. Métodos basados en rasgos de los genomas enteros. Supermatrices y superárboles. Supermatrices y caracteres faltantes. Caracteres de los genomas enteros: orden génico, *DNA string*, contenido génico, cambios genómicos raros. Clasificación de los caracteres genómicos en base a la resolución taxonómica y el nivel de homoplasia. Análisis filogenómico y el origen de la biodiversidad de los metazoos.

#### Unidad 6: Análisis filogeográfico

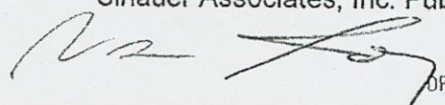
Definición de análisis filogeográfico. Marcadores utilizados en estudios filogeográficos. Haplotipos mitocondriales y herencia matrilineal. Marco teórico del análisis filogeográfico: Distribución de linajes o lineage sorting y teoría de la coalescencia. Cladística y filogeografía. Análisis estadístico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

#### Unidad 7: Coevolución, biogeografía y registro fósil

Asociaciones históricas y reconciliación de filogenias. Tipos de asociaciones históricas, eventos, coespeciación. Coespeciación de parásitos y hospedadores. Transferencia horizontal. Análisis de Parsimonia de Brooks. Biogeografía histórica y análisis de vicarianza. Determinación de áreas de endemismo. Ajuste de filogenias al registro estratigráfico y linajes fantasmas. Tratamiento de ambigüedades en la datación de filogenia mediante fósiles.

#### Bibliografía

- Chapman A. D. 2009. *Numbers of living species in Australia and the world*. Toowoomba, Australia: 2nd edition. Australian Biodiversity Information Services.
- De Salle, R., Giribet, G. & Wheeler, W. (Eds.) 2002. *Molecular Systematics and Evolution. Theory and Practice*. Birkhäuser Verlag, Basel, Boston, Berlin.
- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts.
- Hennig, W., 1968. *Elementos de una Sistemática Filogenética*. EUDEBA, Buenos Aires. 353 pp.
- Hillis, D. M., Moritz, C. & Mable, B. (Eds.) 1996. *Molecular Systematics*. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publ. Sunderland Massachusetts, USA. 655 pp.

  
Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
OPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION



- Katinas, L., Crisci, J.V & Posadas, P. 2003. *Historical Biogeography: an introduction*. Harvard University Press, Cambridge, Mass. 250 pp.
- Kitching, I.A., Forey, P.L, Humphries, C.J & Williams, D.M. 1998. *Cladistics: The Theory and Practice of Parsimony Analysis*. Oxford University Press Inc., New York.
- 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.
- Lemey P. M. Salemi. & A. M. Vandamme (eds.). 2009. *The phylogenetic handbook: A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. Cambridge: Cambridge University Press. 430 p.
- Nei, M., & Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Nelson, G. & N. I. Platnick. 1981. *Systematics and biogeography: Cladistics and vicariance*. New York, Columbia University Press.
- Page R.D.M. (Ed.) (2002) *Tangled Trees: Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution*. University of Chicago Press, Chicago.
- Page, R. D. M. & Holmes, E. C. 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd., London, Cambridge. 346 pp.
- Schuh, R. T. 2000. *Biological systematics: principles and applications*. New York: Cornell University Press.
- Winston, J. E. 1999. *Describing Species: Practical Taxonomic Procedure for Biologists*. New York: Columbia University Press.



Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
OPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION