

Ficha de asignatura – Máster en Biología Evolutiva

Datos básicos de la asignatura

Asignatura:	Filogenias moleculares
Tipo (Oblig/Opt):	Optativa
Créditos ECTS:	6
Departamento responsable:	Genética

Objetivos:

Aplicación de los marcadores moleculares en estudios filogenéticos.

Programa:

TEORÍA (3,52 créditos ECTS).

1.- SISTEMÁTICA Y CLASIFICACIÓN: TAXONOMÍA Y ESTABLECIMIENTO DE RELACIONES FILOGENÉTICAS. Métodos de clasificación. Especiación: concepto de especie. Evolución biológica: Tipos de caracteres; Patrones de evolución; Diferenciación genética durante la evolución: Filogenias genéticas. Construcción del árbol: Principios de inferencia filogenética: distancias y parsimonia; Métodos de construcción del árbol: Agrupamiento (UPGMA, NJ,...); Optimización (máxima parsimonia, máxima verosimilitud, evolución mínima). Búsqueda del mejor árbol.

2.- LOS MARCADORES GENÉTICOS. Los diferentes tipos de marcadores genéticos y su empleo a lo largo de la historia: ISOENZIMAS, RFLPs, RAPDs, Inter-microsatélites (ISSRs), AFLPs, Minisatélites, Microsatélites y SNPs: Definición, tipo de variabilidad que detectan, tipo de herencia. Comparación de las ventajas e inconvenientes de cada uno de los marcadores moleculares analizados.

3.- CUANTIFICACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA. ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES: Poblaciones y acervos genéticos. Variación genética y evolución. Frecuencias génicas y genotípicas. Modelos de estructura de las poblaciones. La ley de equilibrio de Hardy-Weinberg. **MEDIDAS DE VARIACIÓN DENTRO DE UNA POBLACIÓN:** Frecuencias alélicas, porcentaje de loci polimórficos, riqueza alélica, número efectivo de alelos por locus, heterocigosidad observada y esperada de un locus y de una población. **MEDIDAS DE VARIACIÓN ENTRE POBLACIONES:** Homogeneidad de frecuencias alélicas. Parámetros de Nei: Diversidad genética total, diversidad genética media dentro de las poblaciones y diversidad genética entre poblaciones. Coeficiente de diferenciación genética. Flujo génico. **EVOLUCIÓN MOLECULAR:** constancia de la tasa de sustitución y reloj molecular. Estimación del número de sustituciones nucleotídicas: modelo de Jukes y Cantor y modelo de Kimura dos parámetros. Estimación del número de sustituciones sinónimas y no sinónimas. Sesgo en el uso de codones.

4.- ANÁLISIS DE SECUENCIAS. Búsqueda de secuencias de DNA y proteínas en las bases de datos: Genbank, EMBL, Swiss-Prot. Alineamiento de secuencias de DNA y proteínas: similitud y homología. Alineamiento por pares: BLAST, FASTA. Búsqueda de motivos o patrones en las bases de datos. Alineamientos múltiples.

5.- APLICACIONES AL DIAGNÓSTICO. Detección cualitativa y cuantitativa de especies e individuos en diferentes matrices. Selección de secuencias y estimación de niveles de variabilidad. PCR convencional, PCR cuantitativa, *biochips*. Elección de cebadores y secuencias diagnóstico. Expresión de genes críticos: RT-PCR. Validación de protocolos. Aplicaciones en fitopatología, clínica, seguridad alimentaria, genética humana.

PRÁCTICAS (1,6 créditos ECTS).

1- Establecimiento de relaciones filogenéticas con diferentes tipos de marcadores y los programas ARLEQUIN, CONVERT, GENESTAT, NTSYS, PHYLIP, POPGENE y TREEVIEW.

2.- Búsqueda de secuencias utilizando los programas FASTA y BLAST. Establecimiento de relaciones filogenéticas con los programas CLUSTAL y MEGA 3.1.

Evaluación (0,88 créditos ECTS).

Exposición y defensa de un artículo científico relacionados con los diferentes temas tratados en la parte teórica.

Metodología de aprendizaje:

Recursos disponibles: Aulas, medios audiovisuales (proyector de diapositivas, video proyector, ordenadores), laboratorio de prácticas, ordenadores con conexión a Internet, biblioteca y acceso *on-line* a las bases de datos, *software* específicos.

Bibliografía recomendada:

- Fontdevila, A.; A. Moya (1999). Introducción a la genética de poblaciones. Síntesis.
- Fontdevila, A.; A. Moya (2003). Evolución. Origen, adaptación y divergencia de las especies. Síntesis
- Frankham, R.; J. D. Ballou; D. A. Briscoe (2002). Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press.
- Freeman, S.; J. Herron (2002). Análisis Evolutivo (2ª edición). Prentice Hall.
- Graur, D.; W-H Li (2000). Fundamentals of Molecular Evolution (2nd edition). Sinauer.
- Hall, B. G. (2011). Phylogenetic trees made easy. A how-to manual. (4th edition). Sinauer.
- Holder, M.; P. O. Lewis (2003). Phylogeny estimation: traditional and Bayesian approaches. Nature 4: 275-284
- Nei, M.; S. Kumar (2000). Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press.
- Page, R. D. M.; E. C. Holmes (1998). Molecular evolution. A phylogenetic approach. Blackwell Science.
- Ridley, M. (2003). Evolution (3th edition). Blackwell Science.
- Saunders, G.C.; H.C. Parkers (Eds.) (1999). Analytical Molecular Biology: quality and validation. Royal Society of Chemistry, Cambridge, U.K.
- Soler, M. (2002) Evolución. La base de la biología. Editorial Manuel Soler.
- Stearns, S. C.; R. F. Hoekstra (2000). Evolution, an introduction. Oxford University Press.

Páginas de Internet:

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://www.ebi.ac.uk/embl>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>

<http://www2.ebi.ac.uk/fasta3/>

<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>

<http://us.expasy.org/prosite/>

<http://pfam.wustl.edu/hmmsearch.shtml>

<http://paup.csit.fsu.edu/>

<http://mrbayes.csit.fsu.edu/>

<http://www.megasoftware.net/>

<http://www.zi.ku.dk/eunet/Pages/gensoft.html>

Criterios y métodos de evaluación:

Asistencia y participación en las clases teóricas y prácticas (20%).

Elaboración, presentación y defensa de un seminario basado en artículos científicos (80%).

Idioma:

Español. La bibliografía estará en inglés.