

Guía Docente de asignatura – Máster en Biología Evolutiva

Datos básicos de la asignatura

Asignatura:	Sistemática filogenética			
Tipo (Oblig/Opt):	Obligatoria			
Créditos ECTS:	6			
Teóricos:	2,5			
Prácticos:	2,5			
Seminarios:	0,6			
Tutorías:	0,4			
Curso:	2016-17			
Semestre:	Primero			
Departamentos responsables:	Zoología y Antropología Física			
Profesor responsable: (Nombre, Dep, e-mail, teléfono)	Diego San Mauro	Zoología y Antropología Física	dsanmaur@ucm.es	913944948
Profesores:	Diego San Mauro			

Datos específicos de la asignatura

Descriptor:	Esta asignatura pretende que los alumnos conozcan los fundamentos del análisis filogenético moderno, que ha llegado a convertirse en una metodología esencial para los estudios comparativos en cualquier campo de la biología. Asimismo, la asignatura pretende que se aprenda el uso del software de análisis reciente, con especial énfasis en los problemas inherentes a su aplicación en estudios evolutivos.
Requisitos:	
Recomendaciones:	Estar familiarizado con la lectura y discusión de trabajos de investigación científica. Inglés.

Competencias

Competencias transversales y genéricas:	<ul style="list-style-type: none">- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas en un contexto de investigación sistemática y evolutiva.- Aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con el área de estudio particular de cada estudiante.- Integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, aun siendo limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.- Comunicar conclusiones, conocimientos y las razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.- Poseer las habilidades de aprendizaje que permitan a los estudiantes continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido y autónomo.
Competencias específicas:	<ul style="list-style-type: none">- Conocer los fundamentos del análisis filogenético moderno, así como conceptos esenciales de sistemática y filogenética, tanto clásica como molecular.- Aprender el diseño de estudios filogenéticos.- Realizar la recolección y preparación de datos para análisis filogenéticos.- Utilizar métodos de análisis filogenético: máxima parsimonia, distancias, máxima verosimilitud, inferencia Bayesiana.- Conocer las medidas de apoyo estadístico y contraste de hipótesis en filogenética.- Aprender la estimación de tiempos de divergencia, la reconstrucción de caracteres ancestrales y el estudio de tasas de evolución.

Objetivos

Los objetivos de aprendizaje específicos son:

1. Que el alumno aprenda conceptos básicos de sistemática y filogenética, así como sus aplicaciones, uso moderno y perspectivas futuras.
2. Que el alumno aprenda a diseñar estudios filogenético, entendiendo la problemática y aspectos a tener en cuenta.
3. Que el alumno aprenda cómo son los datos que se emplean en los estudios filogenéticos, así como su forma de recolección, organización y procesado para los análisis.
4. Que el alumno aprenda los métodos de análisis filogenético más comunes (máxima parsimonia, distancias, máxima verosimilitud, inferencia Bayesiana) utilizando el software y aproximaciones más modernas.
5. Que el alumno aprenda cuáles son las medidas de apoyo estadístico en filogenética y cómo se evalúan y contrastan estadísticamente las hipótesis filogenéticas.
6. Que el alumno aprenda métodos de estimación de tiempos de divergencia usando datos moleculares.
7. Que el alumno aprenda métodos de reconstrucción de caracteres ancestrales y estudio de tasas de evolución.

Metodología

Descripción:	La docencia de la asignatura se articula en una serie de sesiones en las que se combina la exposición teórica de un tema por parte del profesor seguida de sesiones prácticas de dicho tema usando software de análisis adecuado. Se fomentará la participación activa del alumno en el desarrollo de las clases haciéndose un seguimiento del mismo. Los ejercicios prácticos consistirán en la resolución progresiva de un problema filogenético concreto aplicando las distintas metodologías que se van aprendiendo a medida que avanza el curso. Habrá una sesión de seminarios que consistirán en presentaciones de artículos científicos (de temática afín a la asignatura) por parte de los alumnos. Todo el material de la asignatura estará disponible para los alumnos a través del Campus Virtual.		
Distribución de actividades docentes		Horas	% respecto presencialidad
	Clases teóricas:	25	41,7
	Clases prácticas:	25	41,7
	Exposiciones y/o seminarios:	6	10
	Tutoría:	4	6,6
	Evaluación:		
	Trabajo presencial:	60	
Trabajo autónomo:	90		
Total:	150		
Bloques temáticos	1) Sesiones teórico-prácticas, 2) Seminarios		
Evaluación			
Criterios aplicables:	La evaluación de cada alumno se hará atendiendo a tres aspectos: - Asistencia y participación en las clases. La asistencia a todas las clases es obligatoria y parte del criterio de evaluación. - Elaboración y defensa pública de una presentación de un artículo científico (de temática afín a la asignatura) que será asignado durante el curso a cada alumno o grupo de alumnos (dependiendo del número de participantes). - Examen escrito de los conocimientos teóricos y prácticos adquiridos durante el desarrollo de la asignatura.		
Organización semestral			
Temario			
Programa teórico:	Tema 1. Introducción: principios y conceptos. Tema 2. Cladística: la reconstrucción filogenética basada en parsimonia. Tema 3. Caracteres, homología y alineamientos. Tema 4. Métodos de distancias. Tema 5. Medidas de soporte. Tema 6. Modelos de evolución. Tema 7. Máxima verosimilitud. Tema 8. Inferencia Bayesiana. Tema 9. Estimación de tiempos de divergencia. Tema 10. Contraste de hipótesis filogenéticas. Tema 11. Reconstrucción de caracteres ancestrales. Tema 12. Variación en las tasas evolutivas entre linajes y en el tiempo. <i>Rogue taxa</i> . Tema 13. Diseño experimental filogenético. Tema 14. Perspectivas en sistemática filogenética.		
Programa práctico:	- Máxima parsimonia. - Alineamientos. - Métodos de distancias. - Modelos de evolución. - Máxima verosimilitud. - Inferencia Bayesiana. - Estimación de tiempos de divergencia. - Contraste de hipótesis filogenéticas. - Reconstrucción de caracteres ancestrales y tasas de evolución fenotípica. - <i>Rogue taxa</i> . - Diseño experimental filogenético.		
Seminarios:	Los seminarios consistirán en presentaciones de artículos científicos (de temática afín a la asignatura) por parte de los alumnos. Dichos artículos científicos serán asignado durante		

el curso a cada alumno o grupo de alumnos (dependiendo del número de participantes) y, en la medida de lo posible, irán variando de año en año.

Bibliografía:

En cada tema se le proporcionará a los alumnos la bibliografía específica más relevante. Como literatura general de la asignatura, se recomiendan las siguientes obras:

Hillis D.M., Moritz C., Mable B.K., Eds. (1996) *Molecular systematics*. 2nd Ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.

Kitching I.L., Forey P.L., Humphries C.J., Williams D.M. (1998) *Cladistics. The theory and practice of parsimony analysis*. 2nd Ed. Oxford University Press, Oxford.

Page R.D.M. Holmes E.C. (1998) *Molecular evolution: a phylogenetic approach*. Blackwell Science, Oxford.

Nei M., Kumar S. (2000) *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, Oxford.

Wiens J.J., Ed. (2000) *Phylogenetic analysis of morphological data*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Whelan S., Liò P., Goldman N. (2001) Molecular phylogenetics: state-of-the-art methods for looking into the past. *Trends in Genetics* 17:262-272.

Felsenstein J. (2004) *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.

Lemey P., Salemi M., Vandamme A.-M., Eds. (2009) *The phylogenetic handbook. A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. 2nd Ed. Cambridge University Press, Cambridge.

San Mauro D., Agorreta A. (2010) Molecular systematics: a synthesis of the common methods and the state of knowledge. *Cellular & Molecular Biology Letters* 15:311-341.

Hall, B.G. (2011) *Phylogenetic trees made easy: a how to manual*. 4th Ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.

Wiley E.O., Lieberman B.S. (2011) *Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematics*. 2nd Ed. Wiley-Blackwell, Hoboken, NJ.

Baum D., Smith S. (2012) *Tree thinking: an introduction to phylogenetic biology*. Roberts and Company Publishers, Greenwood Village, CO.

Vargas P., Zardoya R., Eds. (2012) *El árbol de la vida: sistemática y evolución de los seres vivos*. Madrid.