

Guía Docente de asignatura – Máster en Biología de la Conservación

Datos básicos de la asignatura

Asignatura:	Filogenias Moleculares		
Tipo (Oblig/Opt):	Optativa		
Créditos ECTS:	6		
Teóricos:	3		
Prácticos:	1,5		
Seminarios:	0,9		
Tutorías:	0,6		
Curso:	2019-202		
Semestre:	(no se imparte)		
Departamentos responsables:	Genética, Fisiología y Microbiología		
Profesor responsable: (Nombre, Dep, e-mail, teléfono)	Ana M. Figueiras	Genética	anafig@ucm.es
Profesores:	César Benito, Ana M Figueiras, M ^a Teresa González, Rosario Linacero		

Datos específicos de la asignatura

Descriptor:	<p>En esta asignatura se estudiarán los conceptos y metodologías propios de la Genética que se utilizan en el establecimiento de relaciones filogenéticas así como sus aplicaciones en la Sistemática y el Diagnóstico.</p> <p>En primer lugar se tratarán los conceptos básicos: concepto genético de especie, variabilidad, polimorfismo, diversidad, estructura genética de poblaciones y evolución molecular. Posteriormente se estudiará cómo, mediante el análisis de distintos tipos de marcadores moleculares (microsatélites, SNPs o secuencias de DNA), se pueden establecer relaciones filogenéticas a distintas escalas.</p>
Requisitos:	Ninguno.
Recomendaciones:	Ninguna.

Competencias

Competencias transversales y genéricas:	Pueden consultarse en: http://www.ucm.es/biologia-conservacion/competencias
Competencias específicas:	<p>Comprender la aplicación de los conceptos genéticos a la Sistemática.</p> <p>Ser capaz de usar las bases de datos genéticos y genómicos en la inferencia filogenética.</p> <p>Ser capaz de usar las herramientas que permiten extraer información con significado biológico de las bases de datos.</p> <p>Ser capaz de analizar y valorar el diseño y los resultados obtenidos en los experimentos en los que se utilizan estas metodologías.</p> <p>Ser capaz de comprender y utilizar la información emergente en el análisis de los genomas.</p> <p>Ser capaz de diseñar métodos de diagnóstico específicos basados en información genómica y filogenética.</p>

Objetivos

- 1.- Que el estudiante aprenda la aplicación de los conceptos genéticos básicos en la Sistemática y la Filogenética.
- 2.- Que el estudiante aprenda los métodos de cuantificación de la diversidad genética.
- 3.- Que el estudiante aprenda los métodos de análisis filogenético más comunes.
- 4.- Que el estudiante aprenda a utilizar algunos de los programas informáticos que permiten realizar inferencias filogenéticas.
- 5.- Que el estudiante aprenda los sistemas actuales para gestionar *in silico* marcadores moleculares y secuencias de DNA.
- 6.- Que el estudiante conozca la información y los criterios esenciales necesarios para diseñar métodos de diagnóstico genético.

Metodología

Descripción:	Clases teóricas. Clases prácticas Manejo de bases de datos y de herramientas para análisis filogenéticos y protocolos de diagnóstico. En aula informática. Seminarios realizados por los estudiantes. Consistirán en la presentación de artículos científicos de temática relacionada con la asignatura. Los diferentes archivos relacionados con la asignatura estarán disponibles en el Aula Virtual de Filogenias Moleculares.		
Distribución de actividades docentes	Clases teóricas:	Horas	% respecto presencialidad
	Clases prácticas:	22,5	
	Exposiciones y/o seminarios:	11,5	
	Tutoría:	7	
		2,5	

	Evaluación:	1,5	
	Trabajo presencial:	45	
	Trabajo autónomo:	105	
	Total:	150	
Bloques temáticos	<p>1.- SISTEMÁTICA Y CLASIFICACIÓN: TAXONOMÍA Y ESTABLECIMIENTO DE RELACIONES FILOGENÉTICAS.</p> <p>2.- LOS MARCADORES GENÉTICOS.</p> <p>3.- CUANTIFICACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA. ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES.</p> <p>4.- ANÁLISIS DE SECUENCIAS.</p> <p>5.- APLICACIONES DE LOS ANÁLISIS FILOGENÉTICOS Y GENÓMICOS. DIAGNÓSTICO DE INDIVIDUOS Y ESPECIES Y ESTUDIOS DE DIVERSIDAD.</p>		
Evaluación			
Criterios aplicables:	<p>La evaluación de la adquisición de las competencias tendrá dos componentes: Asistencia y participación en las clases teóricas y prácticas (20%). Elaboración, presentación y defensa de un seminario basado en artículos científicos (80%).</p>		
Temario			
Programa teórico:	<p>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.</p> <p>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.</p> <p>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.</p> <p>4.- ANÁLISIS DE SECUENCIAS. Bases de datos: NCBI Entrez. Búsqueda de secuencias de DNA y proteínas en las bases de datos: Genbank, EMBL, Swiss-Prot. Alineamiento de secuencias de DNA: similitud y homología. Alineamiento por pares. Búsqueda de secuencias homologas en las bases de datos: BLAST. Alineamientos múltiples. Alineamientos progresivos: CLUSTAL Inferencia filogenética. Metodos. Modelo evolutivo. Evaluación.</p> <p>5.- APLICACIONES AL DIAGNÓSTICO. Métodos genéticos de diagnóstico. Detección cualitativa y cuantitativa. Áreas de aplicación del diagnóstico genético. Estrategias de diseño de un protocolo de diagnóstico. Concepto de especie en hongos y procariotas. Selección de secuencias y niveles de variabilidad. Sensibilidad. Diagnóstico por PCR. PCR convencional, PCR cuantitativa, <i>biochips</i>. Elección de cebadores y secuencias diagnóstico. Detección y cuantificación de la expresión de genes críticos: RT-PCR. Optimización y validación de protocolos. Métodos genómicos de análisis de diversidad biológica: Metagenómica.</p>		
Programa práctico:	<p>1- Establecimiento de relaciones filogenéticas con diferentes tipos de marcadores y los programas ARLEQUIN, CONVERT, GENESTAT, NTSYS, PHYLIP, POPGENE y TREEVIEW.</p> <p>2.- Uso de bases de datos: NCBI. Búsqueda de secuencias homólogas utilizando los programa BLAST. Alineamientos múltiples (CLUSTAL). Inferencia filogenética: estimación del modelo evolutivo y construcción de árboles (MEGA).Diseño de un protocolo de PCR específico.</p>		
Seminarios:	Exposición y defensa de un artículo científico relacionado con los diferentes temas tratados en la parte teórica.		

Bibliografía:

Bibliografía recomendada:

- Attwood, T. K.; D. J. Parry-Smith (2002). Introducción a la bioinformática. Prentice Hall.
- 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 (2010). Introduction to Conservation Genetics (2nd edition). Cambridge University Press.
- Freeman, S.; J.C. Herron (2002). Análisis Evolutivo (2^a 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.
- Herron, J.C.; S. Freeman (2013). Evolutionary Analysis (5th edition). Pearson.
- Holder, M.; P. O. Lewis (2003). Phylogeny estimation: traditional and Bayesian approaches. Nature 4: 275-284.
- Lemey, P.; M. Salemi; a.M. Vandamme (2011). The phylogenetic Handbook (4th edition). Cambridge University Press.
- Mackay, I.M. 2007. Real-time PCR in microbiology. From diagnosis to characterization. Caister Academic Press.
- Maurer, J (ed). 2006. PCR methods in foods. Springer Science+Business Media, Inc
- 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 (2005). Evolution, an introduction (2nd edition). 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://mrbayes.csit.fsu.edu/>
<http://www.megasoftware.net/>
<http://www.zi.ku.dk/eunet/Pages/gensoft.html>

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