

MÁSTER UNIVERSITARIO EN ESTUDIOS AVANZADOS EN BOTÁNICA

| Técnicas Avanzadas de Filogenia y Filogeografía Vegetal | |
|--|---|
| Código | 610628 |
| Módulo | Obligatorio |
| Materia | Investigación en evolución y diversidad vegetal |
| Carácter | Asignatura obligatoria |
| Créditos ECTS | 5 |
| Curso | Primero |
| Semestre | Primero |
| Profesor responsable | Pablo Muñoz Rodríguez, pablo.munoz@ucm.es |
| Otros profesores | Sara Martín Herranz, Guillermo Amo de Paz, Pradeep K. Divakar |

SINOPSIS

DESCRIPTOR

Esta asignatura aborda los fundamentos teóricos y metodológicos de la inferencia filogenética y filogeográfica, con un enfoque aplicado en el análisis molecular de la biodiversidad vegetal. Se explorarán técnicas de extracción y amplificación de ADN, métodos de secuenciación y estrategias de alineamiento y procesamiento de datos genéticos. Además, se proporcionarán herramientas para la inferencia filogenética, la interpretación de árboles evolutivos y el análisis filogeográfico, integrando datos moleculares y espaciales. A lo largo del curso, el alumno desarrollará un proyecto de investigación en el que aplicará estos conocimientos a un grupo de estudio seleccionado, desde la generación y análisis de datos hasta la interpretación de los resultados, siempre en un marco evolutivo.

CONOCIMIENTOS PREVIOS RECOMENDADOS

La asignatura está diseñada para proporcionar la formación necesaria en técnicas avanzadas de inferencia filogenética y filogeográfica. No obstante, para un mejor aprovechamiento, se recomienda contar con conocimientos básicos de biología evolutiva, genética y sistemática vegetal. También es útil tener nociones generales sobre técnicas de biología molecular y familiaridad con el sistema operativo Linux y comandos básicos de trabajo en consola, así como un nivel de inglés adecuado para la lectura y comprensión de tutoriales y textos científicos en dicho idioma.

OBJETIVOS FORMATIVOS

El estudiantado adquirirá conocimientos y habilidades para la extracción de ADN y la preparación de muestras en laboratorio para secuenciación, así como para el reconocimiento y procesamiento de datos generados por secuenciación Sanger. Comprenderá los principios teóricos y aplicará los principales métodos de alineamiento de secuencias, selección de modelos evolutivos e inferencia filogenética. Además, será capaz de interpretar la estructura y significado de los árboles filogenéticos en un marco evolutivo. Desde una perspectiva práctica, el estudiante desarrollará autonomía en la ejecución de técnicas de laboratorio, el

análisis de datos filogenéticos y la planificación de experimentos en función de hipótesis de trabajo. Asimismo, demostrará capacidad para elaborar, modificar e interpretar árboles filogenéticos, gestionar información sobre biodiversidad y manejar, analizar e interpretar datos genéticos y genómicos.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Contenidos:

RA1 - Haber adquirido una comprensión detallada y fundamentada de los aspectos teóricos y prácticos y de la metodología de trabajo en el campo de estudio de la Botánica.

RA2 - Conocer y comprender los principales procesos evolutivos de los vegetales y los cambios de sus comunidades a lo largo del tiempo.

RA10 - Conocer las nuevas tendencias y perspectivas de investigación en Botánica, así como los principios del método científico y sus condicionantes éticos.

Habilidades:

RA11 - Demostrar habilidad en el diseño de estudios altamente especializados relacionados con la morfología, evolución y usos de las plantas, así como su variabilidad ante diferentes escenarios ambientales.

RA12 - Demostrar destrezas en técnicas avanzadas y herramientas especializadas relacionadas con estudios morfológicos, taxonómicos, anatómicos, químicos y genéticos en el ámbito de la Botánica.

RA19 - Saber aplicar e integrar los conocimientos botánicos, la comprensión de estos, su fundamentación científica y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos de distinto nivel de dificultad.

Competencias:

RA21 - Capacidad para diseñar, planificar y realizar el trabajo de laboratorio y de campo en Botánica dominando el uso de herramientas y software informático para la interpretación de los datos.

RA22 - Capacidad para valorar y discutir de forma crítica y detallada las distintas teorías, modelos o procesos implicados en la evolución de los vegetales y sus comunidades.

RA27 - Capacidad para usar un lenguaje técnico avanzado en el campo de la Botánica que le permita expresarse y comunicar los resultados procedentes de la investigación científica y tecnológica en el ámbito de la innovación más destacada.

METODOLOGÍA DOCENTE

El desarrollo de la asignatura combinará actividades presenciales y trabajo autónomo por parte del estudiantado con un enfoque basado en la aplicación práctica de los conceptos aprendidos. El trabajo presencial incluirá: lecciones magistrales, en las que se explicarán los conceptos clave; seminarios y talleres, orientados a la discusión de casos de estudio y la resolución de problemas; prácticas de laboratorio, enfocadas en la obtención y procesamiento de datos moleculares; y sesiones de análisis bioinformático para el tratamiento e interpretación de los datos obtenidos.

Desde el inicio del curso, cada estudiante o grupo de estudiantes seleccionarán un grupo de estudio de entre los propuestos por el profesorado y lo utilizará como sistema modelo para aplicar los métodos aprendidos. A lo largo de la asignatura, y con el apoyo de los docentes, deberá definir una pregunta de investigación, planificar el estudio y seleccionar las

herramientas adecuadas, obtener y analizar datos de laboratorio y de bases de datos públicas, interpretar los resultados, elaborar un informe final y defenderlo frente al resto de estudiantado.

Además, el alumnado complementará su formación con la lectura de artículos científicos recomendados y el análisis de resultados, en función del desarrollo de la asignatura y de los trabajos asignados.

CONTENIDO TEMÁTICO

PROGRAMA TEÓRICO

BLOQUE I: FILOGENIA

1. Introducción a las metodologías de estudio en evolución.
 - a. Conceptos teóricos.
 - b. Tipos de datos empleados para reconstrucciones filogenéticas.
 - c. Ejemplos reales de estudios evolutivos en plantas.
2. Planteamiento de un estudio evolutivo.
 - a. Formulación de preguntas biológicas y selección del grupo de estudio.
 - b. Identificación de recursos disponibles: GenBank, BOLD System y otras bases de datos.
 - c. Evaluación de la información disponible.
 - d. Metodologías de muestreo en campo y herbario.
3. Obtención de datos por secuenciación Sanger (trabajo de laboratorio).
 - a. Extracción de ADN.
 - b. Amplificación de secuencias nucleotídicas mediante PCR.
 - c. Verificación de resultados por electroforesis en gel de agarosa.
 - d. Secuenciación Sanger.
 - e. Obtención y limpieza de secuencias. Revisión de cromatogramas.
4. Elaboración de árboles filogenéticos.
 - a. Alineamiento de secuencias.
 - b. Modelos evolutivos y métodos de inferencia filogenética: máxima parsimonia, máxima verosimilitud y métodos bayesianos.
 - c. Diferencias entre árboles de genes y árboles de especies.
5. Filogenia comparada y biogeografía
 - a. Métodos de datación molecular y puntos de calibración.
 - b. Reconstrucción de estados ancestrales con variables discretas y continuas.
 - c. Análisis biogeográfico por reconstrucción de áreas ancestrales.

BLOQUE II: FILOGEOGRAFÍA

6. Introducción a la filogeografía y genética de poblaciones
 - a. Conceptos básicos de filogeografía.
 - b. Aplicaciones en conservación y biogeografía.
7. Métodos de reconstrucción filogeográfica
 - a. Redes de haplotipos y genealogías de genes.
8. Análisis de diversidad y estructura genética.
 - a. Diversidad genética intra e interpoblacional.
 - b. Métodos de análisis de estructura genética.

9. Métodos avanzados en filogeografía y genética de poblaciones
- Coalescencia y modelos demográficos.
 - Delimitación de especies basada en datos genéticos.
 - Aplicaciones de herramientas bioinformáticas para análisis filogeográficos.

PROGRAMA PRÁCTICO

Se propondrán casos prácticos para su discusión y resolución.

SEMINARIOS

Seminarios de temas novedosos impartidos por especialistas.

ACTIVIDADES DOCENTES

| Actividad | Número de horas | % respecto presencialidad |
|--------------------------|-----------------|---------------------------|
| Clases teóricas | 10 | 25 |
| Prácticas de laboratorio | 10 | 25 |
| Seminarios | 20 | 50 |
| Estudio autónomo | 85 | |

SISTEMA DE EVALUACIÓN

La distribución porcentual de la nota final de la asignatura será:

- Evaluación continua, ligada a la participación en las actividades presenciales y al desarrollo del trabajo en el laboratorio y el aula: 20%.
- Resolución de casos y ejercicios y elaboración de trabajos planteados: 60%
- Prueba escrita al terminar el programa: 20%

Los trabajos se realizarán en grupo o de manera individual en función del número de estudiantes, que serán supervisados a lo largo del desarrollo de la asignatura mediante atención presencial y remota.

CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Para superar la asignatura es imprescindible superar la calificación global de 5.

RECURSOS

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

Álvarez, I., & Wendel, J.F. 2003. Ribosomal *ITS* sequences and plant phylogenetic inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 29: 417–434. <https://doi.org/10.1016/S1055->

[7903\(03\)00208-2](#)

- Anisimova, M. (Ed.) 2012. *Evolutionary Genomics: Statistical and Computational Methods*. Volumes 1 and 2. Humana Press, New York. Vol. 1: xiv+467 pp. ISBN 978-1-61779-581-7. Vol. 2: xv+566 pp. ISBN 978-1-61779-584-8.
- Baldwin, B.G. 1992. Phylogenetic utility of the internal transcribed spacers of nuclear ribosomal DNA in plants: an example from the Compositae. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 1: 3–16.
- Baum, D.A., & Smith, S.D. 2012. *Tree Thinking: An Introduction to Phylogenetic Biology*. Roberts and Company Publishers.
- Bleidorn, C. 2017. *Phylogenomics: An Introduction*. Springer International Publishing. https://weblibrary.mila.edu.my/upload/ebook/science_and_research/2017_Book_Phylogenomics.pdf
- Bromham, L. 2016. *An introduction to molecular evolution and phylogenetics*, 2nd ed. Oxford (GB): Oxford university press.
- Bromham, L., & Cardillo, M. 2019. *Origins of biodiversity: an introduction to macroevolution and macroecology*. Oxford, United Kingdom: Oxford university press.
- Carruthers, T., & Scotland, R.W. 2023. Deconstructing age estimates for angiosperms. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 186: 107861. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2023.107861>
- Chase, M.W., *et al.* 1993. Phylogenetics of seed plants: an analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcL*. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 80: 528. <https://doi.org/10.2307/2399846>
- Drouin, G., Daoud, H., & Xia, J. 2008. Relative rates of synonymous substitutions in the mitochondrial, chloroplast and nuclear genomes of seed plants. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 49: 827–831. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.09.009>
- Feliner, G.N., & Rosselló, J.A. 2007. Better the devil you know? Guidelines for insightful utilization of *nrDNA ITS* in species-level evolutionary studies in plants. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44: 911–919. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2007.01.013>
- Gonçalves, D.J.P. *et al.* 2020. Under the rug: abandoning persistent misconceptions that obfuscate organelle evolution. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 151: 106903. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106903>
- Huson, D.H., Rupp, R & Scornavacca, C. 2010. *Phylogenetic networks: concepts, algorithms and applications*. Cambridge University Press xii+362 pp. ISBN 978-521-75596-2
- Kolaczkowski, B., & Thornton, J.W. 2004. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. *Nature* 431: 980–984. <https://doi.org/10.1038/nature02917>
- Lee, M.S.Y., & Palci, A. 2015. Morphological phylogenetics in the Genomic Age. *Curr. Biol.* 25: R922–R929. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.07.009>
- Revell, L. J. 2022. *Phylogenetic Comparative Methods in R*. Princeton University Press.
- Soltis, D. *et al.* 2018. *Phylogeny and evolution of the angiosperms*, Revised & updated edition. Chicago, IL: The university of Chicago press.
- Steel, M., & Penny, D. 2000. Parsimony, likelihood, and the role of models in molecular phylogenetics. *Mol. Biol. Evol.* 17: 839–850. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026364>

Straub, S.C.K. *et al.* 2012. Navigating the tip of the genomic iceberg: Next-Generation Sequencing for plant systematics. *American Journal of Botany* 99: 349–364. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100335>

Warnow, T. 2017. *Computational Phylogenetics: an introduction to designing methods for phylogeny estimation*, 1st ed. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/9781316882313>

OTROS RECURSOS

Recursos en el campus virtual

- European Galaxy server: <https://usegalaxy.eu/>
- Global Galaxy server: <https://usegalaxy.org/>
- Mega Software: <https://www.megasoftware.net/>
- IQ-Tree web server: <http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>
- BOLD Systems: <https://v3.boldsystems.org/>
- Species delimitation server: <https://species.h-its.org/>