



UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLAS DE HIDALGO
DEPARTAMENTO DE EDUCACIÓN CONTINUA
SOCIEDAD ICTIOLÓGICA MEXICANA A.C.



Programa para la materia: ANÁLISIS DE DATOS MOLECULARES EN
FILOGEOGRAFÍA

Carga Horaria: 40 horas totales, 8 horas diarias (1 hora teórica / 7 horas prácticas),

Fecha: 26 al 30 de enero

Horario: 9 a 14 y 16 a 20hrs

Fecha de elaboración: Noviembre del 2014.

Perfil del profesor: Doctorado o Maestro en Ciencias con especialidad en el área de Evolución, Sistemática, Genética, Biogeografía o Bioinformática

Participantes en la elaboración:

M. en C. Diushi Keri Corona Santiago – Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, España

Dr. Omar Domínguez Domínguez – Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, México

Fecha de la última revisión: Noviembre del 2014.

Participantes en el desarrollo del curso:

M. en C. Diushi Keri Corona Santiago – Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, España

Dr. Omar Domínguez Domínguez – Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, México

Número máximo de participantes: 20

10 para la Universidad Michoacana y 10 para la Sociedad Ictiológica Mexicana A.C.

Costo de recuperación:

Miembro de la UMSNH y socios SIMAC: 500

Externos y no socios: 1500

Prerrequisitos:

Que los interesados tengan conocimiento e interés probado en el uso de programas en filogenia y filogeografía

Introducción: Los análisis bioinformáticos de datos moleculares avanzan a un ritmo acelerado, continuamente se crean nuevos métodos y programas de análisis que deben ser incorporados a los análisis tradicionales. Dichos análisis van desde los alineamientos de secuencias hasta la estima de tiempos de divergencia con diferentes modelos, por lo que en este curso práctico se aprenderá el uso de diferentes paquetes informáticos para el análisis de secuencias para estudios filogenéticos y filogeográficos.

Objetivo: Que los participantes aprendan el uso de paquetes informáticos básicos para el análisis de datos moleculares: alineamiento de secuencias, reconstrucciones filogenéticas, estimación de diversidad genética, etc.

Objetivos específicos:

- I. Los participantes serán capaces de utilizar distintas herramientas bioinformáticas y conocerán su utilidad, podrán manejar datos moleculares básicos e interpretar los resultados obtenidos a través de los análisis.
- II. Serán capaces de aplicar sus conocimientos para el diseño experimental de acuerdo a los organismos bajo estudio, los datos, y a las herramientas moleculares y bioinformáticas existentes.
- III. Los participantes desarrollarán un proyecto de investigación ya sea con datos propios o bien obtenidos por bases de datos o ficticios.

Contenido programático

I. Alineamientos

Teoría (1 hora):

1.1. Alineamientos de secuencias de ADN (Mitocondriales y Nucleares): manuales, locales y automáticos.

Práctica (7 horas):

1.2 Obtención de datos (de GenBank o propios).

1.3. Alineamientos.

1.4. Transformación de datos a distintos formatos.

Programas requeridos: Mega v6 (obligatorio) (Mac/Windows)
BioEdit v7.2.5 (opcional) (Windows)
Clustal Omega (en línea)
Muscle (en línea)

II. Diversidad genética y de genética de poblaciones.

Teoría (1 hora):

2.1. Análisis básicos de diversidad genética y de genética de poblaciones.

Práctica (7 horas):

2.2. Parámetros de diversidad genética

2.3. Test de neutralidad

2.4. Divergencias genéticas

2.5. Índices de fijación y estructura poblacional

Programas requeridos: DnaSP v5.10.1 (Windows)
Arlequin v3.5.1.3 (Windows*/Mac)
Geneland v4.0.4** (Windows/Mac)

*Sistema operativo recomendado.

**Se recomienda la versión interface para los usuarios no familiarizados con "R".

III. Agrupamiento e inferencias filogenéticas

Teoría (1 hora):

3.1. Análisis de agrupamiento e Inferencias filogenéticas

Práctica (7 horas):

3.2. Obtención y selección de modelo evolutivo de sustitución nucleotídica

3.3. Análisis de agrupamiento

3.4. Inferencias filogenéticas: Neighbor-Joining, Maximum Likelihood e Inferencia Bayesiana

Programas requeridos: jModelTest v2.1.7*
PartitionFinder v1.1.1 (Windows/Mac)
PaupGUI (opcional) (Windows)
Mega v6 (Mac/Windows)
RAxMLGUI v1.3.1** (Windows/Mac)

MrBayes v3.2.3 (Windows/Mac)

Tracer v1.6*

*Es una versión Java

**Existen otras versiones pero recomendamos esta versión para los usuarios no familiarizados con sistema UNIX.

IV. Filogeografía y estima de tiempos de divergencia

Teoría (1 hora):

4.1. Análisis filogeográficos y estima de tiempos de divergencia

Práctica (7 horas):

4.2. Reconstrucción de redes de haplotipos

4.3. Reloj molecular

4.4. Calibración y estima de tiempos de divergencias a nivel interespecífico

Programas requeridos: TCS v1.21*

Network v4.612 (Windows)

Beast v2.1.3** (Windows/Mac)

Tracer v1.6*

*Es una versión Java

**Se puede utilizar la versión 1.8.1 de Windows o Mac como alternativa.

V. Teoría de Coalescencia y métodos ABC

Teoría (1 hora):

4.1. Teoría de Coalescencia e introducción a los métodos ABC (Approximate Bayesian Computational)

Práctica (7 horas):

4.2. Obtención de tiempos de divergencia a nivel intraespecífico

4.3. Estima del tamaño efectivo poblacional

Programas requeridos: Beast v2.1.3** (Windows/Mac)

IMa2 (Windows/Mac)

Tracer v1.6*

**Se puede utilizar la versión 1.8.1 de Windows o Mac como alternativa.

*A fin de llevar a cabo las actividades en los tiempos estipulados, se requiere que los programas estén instalados previo al inicio del curso. Los programas se les serán enviados a los participantes una vez inscritos.

Correlación con otras materias

Este curso requiere del conocimiento básico de sistemática, datos moleculares, filogeografía y computación.

Metodología y desarrollo del curso

El desarrollo teórico del curso se compone de exposiciones, lecturas y discusiones por parte tanto de los profesores como de los estudiantes, mientras que la parte práctica incluye la resolución de ejercicios mediante programas informáticos.

Sistema general de evaluación

El curso se evaluará con exposiciones, lecturas y participación en clase.

Bibliografía

- Amos W, Harwood J (1998) Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, **353**, 177–186.
- Avice JC (2006) Evolutionary pathways in nature: a phylogenetic approach.
- Bandelt H-J, Forster P, Röhl A (2000) Median-Joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, **16**, 37–48.
- Carstens JDMABC (2013) Phylogenetics & Evolutionary Biology. *Phylogenetics & Evolutionary Biology*, **1**, 1–8.
- Csilléry K, Blum MGB, Gaggiotti OE, Francois O (2010) Approximate Bayesian Computation (ABC) in practice. *Trends in Ecology & Evolution*, 1–9.
- Domínguez Domínguez O, Vázquez Domínguez E (2009) Filogeografía: aplicaciones en taxonomía y conservación. *Animal biodiversity and conservation*, **32**, 59–70.
- Drummond AJ (2005) Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences. *Molecular Biology and Evolution*, **22**, 1185–1192.
- Edwards SV (2008) Is a new and general theory of molecular systematics emerging? *Evolution*, **63**, 1–19.
- Edwards SV, Beerli P (2000) Perspective: gene divergence, population divergence, and the variance in coalescence time in phylogeographic studies. *Evolution*, **54**, 1839–1854.
- Eguiarte LE, Souza V, Aguirre X (Eds.) (2007) *Ecología molecular*. Instituto Nacional de Ecología.
- Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, **131**, 479–491.
- Felsenstein J (1981) Evolutionary trees from DNA sequences: A Maximum Likelihood approach. *Journal of Molecular Evolution*, **17**, 368–376.
- Felsenstein J (2004) Inferring phylogenies. *Sunderland*, 644.

- Fisher-Reid MC, Wiens JJ (2011) What are the consequences of combining nuclear and mitochondrial data for phylogenetic analysis? Lessons from *Plethodon* salamanders and 13 other vertebrate clades. *BMC Evolutionary Biology*, **11**, 300.
- Fu YX (1997) Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection. *Genetics*, **147**, 915–925.
- Fu YX, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, **133**, 693–709.
- Hahn MW, Rausher MD, Cunningham CW (2002) Distinguishing between selection and population expansion in an experimental lineage of bacteriophage T7. *Genetics*, **161**, 11–20.
- Hedges SB, Kumar S (2009) *Calibration and constraining molecular clock*. Oxford University Press.
- Hey J (2010) Isolation with migration models for more than two populations. *Molecular Biology and Evolution*, **27**, 905–920.
- Ho S, Larson G (2006) Molecular clocks: When times are a-changin'. *Trends in Genetics*, **22**, 79–83.
- Ho SYW, Shapiro B (2011) Skyline-plot methods for estimating demographic history from nucleotide sequences. *Molecular Ecology Resources*, **11**, 423–434.
- Holder M, Lewis PO (2003) Phylogeny estimation: Traditional and Bayesian approaches. *Nature Reviews Genetics*, **4**, 275–284.
- Hughes AR, Inouye BD, Johnson MTJ, Underwood N, Vellend M (2008) Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*, **11**, 609–623.
- Leffler EM, Bullaughey K, Matute DR *et al.* (2012) Revisiting an old riddle: What determines genetic diversity levels within species? *PLoS Biology*, **10**, e1001388.
- Lewis PO, Holder M, Holsinger KE (2004) Polytomies and bayesian phylogenetic inference. *EEB Articles*, 1–32.
- Maddison WP (1997) Gene Trees in Species Trees. *Systematic Biology*, **46**, 523–536.
- Montgomery ME, Woodworth LM, Nurthen RK *et al.* (2000) Relationships between population size and loss of genetic diversity: comparisons of experimental results with theoretical predictions. *Conservation Genetics*, **1**, 33–43.
- Mount DW (2008) Using gaps and gap penalties to optimize pairwise sequence alignments. *CSH protocols*, **2008**, pdb.top40.
- Nagylaki TT (1998) Fixation indices in subdivided populations. *Genetics*, **148**, 1325–1332.
- Pelletier TA, Carstens BC (2014) Model choice for phylogeographic inference using a large set of models. *Molecular Ecology*, **23**, 3028–3043.
- Posada D, Crandall KA (2001) Selecting models of nucleotide substitution: an application to human immunodeficiency virus 1 (HIV-1). *Molecular Biology and Evolution*, **18**, 897–906.
- Rosenberg NA, Nordborg M (2002) Genealogical trees, coalescent theory and the analysis of genetic polymorphisms. *Nature Reviews Genetics*, **3**, 380–390.

- Tajima F (1993) Simple methods for testing the molecular evolutionary clock hypothesis. *Genetics*, **135**, 599–607.
- Templeton AR (1998) Nested clade analyses of phylogeographic data: Testing hypotheses about gene flow and population history. *Molecular Ecology*, **7**, 381–397.
- Thompson JD, Plewniak F, Poch O (1999) A comprehensive comparison of multiple sequence alignment programs. *Nucleic Acids Research*, **27**, 2682–2690.
- Vázquez-Domínguez E, Castañeda-Rico S, Garrido-Garduño T, Gutierrez-García TA (2009) Avances metodológicos para el estudio conjunto de la información genética, genealógica y geográfica en análisis evolutivos y de distribución. *Revista Chilena de Historia Natural*, **82**, 277–297.
- Wakeley J (2009) *Coalescent Theory*. Roberts Publishers.
- Yu Y, Than C, Degnan JH, Nakhleh L (2011) Coalescent histories on phylogenetic networks and detection of hybridization despite incomplete lineage sorting. *Systematic Biology*, **60**, 138–149.