

FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:

Filogenias y Evolución Molecular

1.2. Inserto en un carrera de posgrado

Sí No **X**

1.3. En caso de que el curso ya sea dictado en otra carrera indique la siguiente información:

Carrera	Tipo de dictado	Modalidad	Carácter

2. Equipo docente.

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: **Sánchez Puerta**

Nombre: María Virginia

Correo electrónico: mvsanchezpuerta@fca.uncu.edu.ar

Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces

sea necesario) Apellido: **García**

Nombre: Laura Evangelina

Correo electrónico: lgarcia@fca.uncu.edu.ar

Apellido: **Olave**

Nombre: Melisa

Correo electrónico: molave@mendoza-conicet.gob.ar

Apellido: **Sánchez**

Nombre: Kevin Imanol

Correo electrónico: kevin.imanol.sanchez@gmail.com

Fecha probable de dictado

Semestre 1er 2do x mes: Diciembre

3. Número máximo y mínimo de alumnos

Max:20

min:5

4. Carga horaria propuesta

45 hs

4.1. Exprese la carga horaria relacionada al dictado de la actividad en horas reloj.

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
Presencial	15	30	45	100
No presencial				0
Total	15	30	45	0

5. Objetivos (2000 caracteres)

Generales:

- Incorporar herramientas de análisis filogenéticos y evolutivos.
- Diseñar estrategias para la resolución de problemas científicos en el área de la evolución molecular.

Particulares:

- Conocer las plataformas disponibles para extraer información biológica y las herramientas que brindan para su análisis.

- Utilizar herramientas bioinformáticas para la manipulación y el análisis de secuencias de nucleótidos y proteínas.
- Aplicar los diferentes modelos de evolución molecular en estudios filogenéticos.
- Emplear métodos filogenéticos para la inferencia de las relaciones evolutivas entre organismos y familias génicas.

6. Contenidos. (2000 caracteres)

- Mecanismos evolutivos: selección natural, mutaciones, flujo génico, recombinación, deriva genética en la evolución de genes y genomas.
- Alineamiento de secuencias de ADN. Concepto de homología molecular. Búsqueda de secuencias en bases de datos.
- Métodos para detectar selección positiva, purificadora y neutral.
- Reconstrucciones filogenéticas. Métodos. de análisis filogenéticos: Máxima verosimilitud, Máxima parsimonia, Inferencia Bayesiana.
- Interpretación de filogenias. Incongruencias filogenéticas.
- Coalescencia y árboles de especies.
- Relojes moleculares, calibraciones y estimación de tiempos de divergencia.
- Redes filogenéticas.

7. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se desarrollan y modalidad de supervisión. (Si corresponde). (2000 caracteres)

Las actividades prácticas están divididas en 5 trabajos prácticos que se desarrollan en la computadora y en ejercicios de aula. En los mismos se llevan a cabo las siguientes actividades:

- Búsqueda de secuencias mediante BLAST.
- Alineamientos de Secuencias.
- Análisis evolutivos: Métodos para detectar selección positiva, purificadora o neutral en genes que codifican proteínas.
- Análisis filogenéticos:
Análisis filogenéticos bajo Máxima Parsimonia
Análisis filogenéticos bajo Máxima Verosimilitud. Selección de modelos de substitución.
Inferencia Bayesiana
- Teoría de coalescencia
- Calibraciones y estimación de tiempos de divergencia
- Estimación de redes filogenéticas

Modalidad de supervisión: puesta en común grupal de los resultados obtenidos en los ejercicios. Seguimiento continuo por parte de los docentes durante el desarrollo de cada trabajo práctico para resolver dudas y ayudar en la ejecución e interpretación de los resultados.

8. Bibliografía propuesta (2000 caracteres)

- Felsenstein J. 2004. Inferring phylogenies. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc.
- Futuyma DJ & Kirkpatrick M. Evolution, Sinauer Associates, 4ta Edición, 2017. (Alternativa en español: Gallardo Narcisi, M. Evolución. El Curso de la Vida. 1ra Edición Electrónica. 2017.)
- Herron JC & S Freeman. Evolutionary Analysis, Ed. Pearson, 3era Edición, 2014.
- Kubatko & Knowles. Species Tree Inference: A Guide to Methods and Applications. Princeton University Press, 2023.
- Nei M., Mutation-driven evolution, Oxford University Press, 1era Edición, 2013.
- Soltis, DE, PS Soltis & JJ Doyle. 1998. Molecular Systematics of Plants II. DNA Sequencing. Kluwer Academic Publishers, Boston, USA.
- Wiley EO & BS Lieberman, Phylogenetics, Ed. Wiley-Blackwell, 2da Edición, 2011.
- Yang Z. 2014. Molecular evolution: a statistical approach. Oxford, United Kingdom ; New York, NY, United States of America: Oxford University Press

9. Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación y promoción. (2000 caracteres)

Evaluación continua a través del análisis de datos moleculares y aprobación de un examen final integrador.

10. Tiempo de entrega de evaluaciones y calificaciones una vez finalizado el curso

Una semana después de finalizar el cursado.

11. Ingrese toda otra información que considere pertinente, incluidos requisitos específicos si corresponde. (1600 caracteres)

Pre-requisitos

1. Conocimientos avanzados del idioma inglés (literatura en inglés)
2. Curso de genética de grado aprobado
3. Acceso al uso de una computadora personal y conexión a internet.

El curso será arancelado para aquellos inscriptos que no sean alumnos del Doctorado en Ciencia y Tecnología de la FCEN (U.N.Cuyo). El cobro del arancel se realizará a través de un STAN de cursos de posgrado del CCT Mendoza.