

FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1. Indique la denominación del curso propuesto:
Evolución y Sistemática Molecular

1. Inserto en un carrera de posgrado

Sí No

2. 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.....
Documento: 25.576.247
Correo electrónico: mvsanchezpuerta@fca.uncu.edu.ar.....
CUIT/CUIL: 27-25576247-3.....

2.2. Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces sea necesario)

Apellido: Mascotti.....
Nombre: María Laura.....
Documento: 32130662
Correo electrónico: mlmascotti@unsl.edu.ar
CUIT/CUIL: 23-32130662-4.....

Apellido: Garcia.....
Nombre: Laura Evangelina
Documento: 31188137
Correo electrónico: lgarcia@fca.uncu.edu.ar
CUIT/CUIL: 24-31188137-6.....

Apellido: Lapadula
Nombre: Walter
Documento: 32355017
Correo electrónico: wlapadula@gmail.com
CUIT/CUIL: 20323550175

3. Fecha probable de dictado

Semestre 1er 2do mes: septiembre/octubre

4. Número máximo y mínimo de alumnos
máximo 15
mínimo 10

5. Carga horaria propuesta:
45 horas

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

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
Presencial	0	0	0	-
No presencial	20	25	45	100
Total	20	25	45	

6. Objetivos (máx. 2000 caracteres).

Generales:

- Incorporar herramientas de análisis evolutivo al diseño de proyectos de investigación en evolución.
- 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 el análisis de secuencias de nucleótidos y proteínas de diversos organismos.
- 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.

7. Contenidos (máx. 2000 caracteres).

- Estructura y complejidad de los genomas eucariotas: nuclear, cloroplastidial y mitocondrial. Origen y evolución de las organelas.
- Mecanismos evolutivos: selección natural, mutaciones, flujo génico, recombinación, deriva genética en la evolución de genes y genomas. Concepto de homología molecular.
- Estimación de tasas de sustitución. Métodos para detectar selección positiva, purificadora y neutral.
- Principios de la sistemática molecular y de árboles filogenéticos. Teoría de árboles filogenéticos. Tipos de árboles y enraizamiento. Interpretación de árboles: grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos.
- Bases de datos biológicos. Búsqueda de secuencias en bases de datos. Alineamientos múltiples de secuencias.
- Métodos de análisis filogenéticos. Criterios de optimalidad: distancia, máxima verosimilitud, máxima parsimonia, inferencia Bayesiana. Modelos de sustitución nucleotídica.
- Interpretación de filogenias. Incongruencias filogenéticas.
- Marcadores moleculares. Aplicaciones de la sistemática molecular.

8. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se desarrollan y modalidad de supervisión (Si corresponde). (máx.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:

- Búsquedas de secuencias por similitud y Alineamientos múltiples de secuencias

Búsqueda de secuencias mediante BLAST

Alineamientos de Secuencias Múltiples (MSA)

Exploración de sitios que contienen información biológica (NCBI, EBI)

- Análisis evolutivos

Métodos para detectar selección positiva, purificadora o neutral en genes que codifican proteínas.

- Análisis filogenéticos

Construcción de árboles filogenéticos bajo Máxima Parsimonia

Construcción de árboles filogenéticos bajo Máxima Verosimilitud

Construcción de árboles filogenéticos mediante inferencia Bayesiana

Interpretación de los resultados obtenidos

Comparación de los métodos y de los árboles obtenidos mediante MP y ML

- Uso de marcadores moleculares para análisis filogenéticos

Construcción de filogenias a partir de genes nucleares y mitocondriales

Concatenación de alineamientos

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.

9. Bibliografía propuesta (máx.2000 caracteres).

Bibliografía

- 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.
- 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.
- Higgs, PG & Attwood, TK. Bioinformatics and molecular evolution. Blackwell Science Ltd. 2005.

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

Evaluación continua a través del análisis de datos moleculares, discusión de artículos científicos y aprobación de un examen final integrador.
Las actividades diferenciales para los alumnos de posgrado incluyen la realización de actividades prácticas adicionales (obtención de árboles bajo inferencia Bayesiana, utilización de marcadores moleculares nucleares y mitocondriales, concatenación de alineamientos) y discusión de artículos científicos relacionados con la temática.

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

Pre-requisitos:

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