II CURSO INTENSIVO INTERNACIONAL DE POSGRADO:

FILOGENIA Y MÉTODO COMPARADO

Fecha Del 8 al 19 enero 2024

Organización y Coordinación:
Dr. Francisco A. Squeo
Dr. Rodrigo S. Ríos
Dra. Myriam Ramírez Herranz (mramirez@userena.cl)

Auspicio:
Universidad de La Serena (ULS)
Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB)
Doctorado en Biología y Ecología Aplicada (Dr BEA)
Doctorado en Biología con mención en Zonas Áridas (Dr EZA)
Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA)
Gothenburg Global Biodiversity Centre (GGBC)

Duración: 10 días (5 Créditos transferibles; 75 horas directas y 60 horas indirectas)

Dirigido a: Estudiantes de posgrado e investigadores con interés en Macroecología y Macroevolución.

Conferencistas Invitados:
Dr. Pavel Matos (Centro de Biología de la Academia Checa de Ciencias, República Checa)
Dr. Ferran Sayol (Centro de Investigación Ecológica y Aplicaciones Forestales (CREAF), España)

Idioma del curso: Clases en español, lecturas y materiales en inglés.

Ubicación: Departamento de Biología. Calle Raúl Bitrán 1305. Campus Colina del Pino. Universidad de La Serena, La Serena.

FUNDAMENTACION
El campo de la macroevolución ha progresado en los últimos años gracias a nuevas metodologías para generar y analizar datos biológicos. Por ejemplo, el uso de datos genómicos ha incrementado la precisión de las inferencias de relaciones filogenéticas entre especies, las cuales se estudian para estimar cómo y a qué velocidad han evolucionado algunos rasgos utilizando el método comparado. Los nuevos modelos usados en inferencia filogenética permiten fechar de forma más robusta y confiable los eventos de especiación y evolución en el Árbol de la Vida. Con ello, podemos reconstruir rasgos ancestrales,

asociaciones evolutivas entre rasgos o estimar tasas de diversificación (especiación y extinción). En este curso, aprenderemos las técnicas para realizar un estudio macroevolutivo, de principio a fin: Desde la inferencia de árboles filogenéticos hasta los análisis para estudiar la evolución de las especies y sus rasgos.

OBJETIVOS DEL CURSO:

Los objetivos del curso son:

(i) Familiarizarse con los principales modelos de evolución e inferencia filogenética, y ser capaz de escoger el mejor modelo de acuerdo con los propios datos (fósiles, coalescencia, tipo de reloj molecular).

(ii) Aprender los principales métodos filogenéticos para el estudio de la evolución, desde modelos lineales hasta reconstrucciones ancestrales de caracteres.

METODOLOGÍA DE ENSEÑANZA

Todas las clases tendrán una modalidad teórica-práctica. En las mañanas habrá exposiciones de los docentes con análisis de casos de estudio. Por la tarde se pondrán en práctica los conocimientos adquiridos, utilizando datos propios o datos de ejemplo. Se contempla lecturas de artículos científicos antes y durante el curso.

EVALUACIÓN

Los alumnos serán evaluados durante el curso en base a su participación activa, el pensamiento crítico y el abordaje de los contenidos a través de las diferentes actividades realizadas. Al inicio del curso de deberá proponer un caso de estudio (con datos propios) y al finalizar el curso se deberán presentar como se ha avanzado en el estudio a partir de las herramientas aprendidas durante el curso. De la parte teórica, se realizará un pequeño examen general de tipo test (30%). De la parte práctica, se evaluará la exposición del problema (20%) y la presentación de los resultados o avance en el mismo (40%). El 10% restante será la participación en clase y la motivación del alumno.

PROGRAMA DEL CURSO

El curso será de lunes a viernes, de **9:30 a 13:00** y de **14:00 a 16:30**. En general las mañanas se tratará la parte teórica y en la tarde se pondrán en práctica los conocimientos. Los alumnos podrán traer sus propios datos y proyectos, con los que podrán practicar y avanzar a lo largo del curso.

Presentación del curso

Día 1 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Bienvenida y Presentación de docentes y estudiantes
- Introducción a la filogenia y método comparado

Tarde (14.00-16.30)

- Práctica con R, con énfasis en paquetes en biología evolutiva.
- Presentación de los trabajos o datos para analizar.

Primera parte: Construir la filogenia.

Día 2 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Alineamiento múltiple de secuencias
- Modelos de sustitución de nucleótidos

Tarde (14.00-16.30)

- Edición y visualización de alineamientos con MAFFT & AliView.

Día 3 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Reconstrucción filogenética: métodos

Tarde (14.00-16.30)

- Maximum likelihood con IQ-TREE2.

Día 4 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Reconstrucción filogenética: relojes moleculares y coalescencia

Tarde (14.00-16.30)

- Inferencia Bayesiana usando el modelo "multispecies coalescent" con BEAST2.

Día 5 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Reconstrucción filogenética: fósiles

Tarde (14.00-16.30)

- Inferencia Bayesiana usando el modelo "Fossilized-Birth-Death" con BEAST2.

Segunda parte: Analizar patrones de macroevolución

Día 6 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Correlación de rasgos con estructura filogenética

Tarde (14.00-16.30)

- Ejercicio práctico con modelos lineales (incluyendo modelos bayesianos)

Día 7 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Modelos causales con path analysis filogenético

Tarde (14.00-16.30)

- Ejercicios de path analysis con el paquete de R *phylolm*

Día 8 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Reconstrucción ancestral de caracteres y modelos evolutivos

Tarde (14.00-16.30)

- Ejercicios de reconstrucción con el paquete de R *phytools* y OUwie

Día 9 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Dinámica de diversificación: Estudio de la extinción y la especiación

Tarde (14.00-16.30)

- Ejercicios de análisis de diversificación con R (*diversitree* y otros).

Resumen del curso y puesta en común

Día 10 // *Mañana (9.30-13.00)*

- Presentación de proyectos 1

Tarde (14.00-16.30)

- Presentación de proyectos 2
- Puesta en común y despedida

Todos los días de curso habrá dos Coffe-break de 11 a 11:30 y de 15:15 a 15:45

Requisitos:

- Conocimientos básicos en uso de R.
- Conocimientos generales de biología evolutiva y procesos macroevolutivos.
- Se deberá adjuntar carta de motivación explicando el interés en el curso y su aplicación.
- Se recomienda llevar datos propios para llevar a cabo la construcción de una filogenia y/o el análisis de rasgos en la filogenia. Según el caso, será necesario tener una lista de las especies de interés para el estudio.