

## TALLER PRECONGRESO

### Introducción al uso de herramientas para la sistemática filogenética

**Instructores:** Itzi Fragoso Martínez, Patricia Rivera Pérez y Carolina Granados Mendoza.

**Fecha y horario:** 17 al 19 de octubre de 10 a 2pm.

**Lugar:** Salones, Campus Central, Universidad Autónoma de Aguascalientes

**Cupo:** 6 alumnos mínimo, 12 máximo.

**Prerrequisitos del curso:** se requiere que el participante tenga nociones de sistemática filogenética y que lleve computadora portátil.

**Costo:** Estudiante Socios \$300.00, Socios \$600.00 y no Socios \$900.00

---

#### Presentación

La duración del taller será de 12 horas divididas en tres días. Los participantes aprenderán a descargar secuencias de bases de datos en línea, integrar matrices con dichas secuencias y procesarlas hasta obtener un árbol filogenético mediante métodos paramétricos.

#### Objetivos

1. Que los participantes adquieran las bases teóricas y prácticas para utilizar herramientas computacionales de sistemática filogenética disponibles en línea.
2. -Aprender a hacer uso de los repositorios y bases de datos moleculares.
3. -Aprender las bases teóricas y prácticas del alineamiento de secuencias.
4. -Análisis de matrices alineadas mediante métodos paramétricos.
5. -Estimación de la utilidad filogenética de marcadores moleculares particulares.

#### Metodología

El taller consta de sesiones teóricas breves seguidas de sesiones prácticas en programas de acceso libre y plataformas gratuitas en línea.

### Contenido temático

Día 1.

- Introducción y conceptos generales de sistemática filogenética.
- Uso de Genbank y BLAST para búsqueda y descarga de secuencias
- Herramientas para el alineamiento de secuencias: construcción de matrices.
- Formatos fasta, nexus, phylip.
- MAFFT (versión en línea)
- Concatenar matrices en Mesquite

Día 2.

- Modelos de sustitución molecular y establecimiento de particiones
- PartitionFinder y JModelTest en CIPRES
- PhyDE
- Uso de servidores en línea: CIPRES

Día 3.

- Análisis Bayesianos y de Máxima verosimilitud
- RAXML y MrBayes en CIPRES
- Edición de árboles – ITOL
- Estimación de la utilidad filogenética de marcadores - PhyDesign

### Bibliografía

Lewis, P.O., 1998. Maximum Likelihood as an Alternative to Parsimony for Inferring Phylogeny Using Nucleotide Sequence Data, in: Soltis, D.E., Soltis, P.S., Doyle, J.J. (Eds.), *Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing*. Springer US, Boston, MA, pp. 132–163. [https://doi.org/10.1007/978-1-4615-5419-6\\_5](https://doi.org/10.1007/978-1-4615-5419-6_5)

Nascimento, F.F., Reis, M. dos, Yang, Z., 2017. A biologist's guide to Bayesian phylogenetic analysis. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 1446–1454. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0280-x>

Lemey, P., Salemi, M., Vandamme, A.-M. (eds.). 2009. *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*.

Cambridge University Press, Cambridge, pp. 345–361.

<https://doi.org/10.1017/CBO9780511819049.012>

López-Giráldez F, Townsend J. 2011. PhyDesign: An online application for profiling phylogenetic informativeness. *BMC Evolutionary Biology* 11: 152.

Rambaut A, Drummond AJ. 2007. Tracer v1.5. <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.

Sanderson M. 1997. A nonparametric approach to estimating divergence times in the absence of rate constancy. *Molecular Biology and Evolution* 14: 1218.

Townsend JP. 2007. Profiling phylogenetic informativeness. *Systematic Biology* 56: 222–231