

## TALLER PRECONGRESO

### Estimación de tiempos de divergencia y reconstrucción de estados ancestrales

**Instructores:** Adriana Benítez Villaseñor, Rebeca Hernández Gutiérrez, Andrea López Martínez, Susana Magallón.

**Fecha y horario:** 18 y 19 de octubre. 10:00-14:00hrs.

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

**Cupo:** 6 alumnos mínimo, 15 máximo.

**Prerrequisitos del curso:** taller dirigido a personas con conocimientos básicos de filogenética, y R. Además, deberán de traer su computadora laptop con la instalación previa de los programas Beast 2 (BEAUti, BEAST2, TreeAnnotator, LogCombiner), Tracer, FigTree, SublimeText, R Studio (instalación de librerías ape, phytools). Se proporcionará un manual de instalación de cada programa previo al curso.

**Costo:** Estudiante Socios \$250.00, Socios \$500.00 y no Socios \$700.00

---

### Presentación

Una filogenia molecular es un marco de referencia para investigar diversas preguntas macroevolutivas como ¿cuándo se originó un grupo de organismos?, ¿cómo ha evolucionado un carácter morfológico a través del tiempo?, ¿cuál fue la distribución ancestral de un clado?, ¿cómo ha sido la dinámica de especiación y extinción de un clado?, entre otras. Este curso se enfocará en la teoría, implementación y uso de distintos métodos para responder algunas de estas preguntas. Los métodos paramétricos generalmente inician a partir de una filogenia fechada, por lo que este taller está orientado a la estimación de tiempos de divergencia con métodos de reloj molecular relajado. Adicionalmente, se abordará la reconstrucción de estados ancestrales, implementando métodos paramétricos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana, como ejemplo del uso de filogenias fechadas.

### Objetivos

1. Conocer los fundamentos conceptuales y la aplicación del reloj molecular relajado y la reconstrucción de estados ancestrales mediante sesiones teóricas y prácticas.
2. Que los participantes adquieran experiencia en la implementación de programas como: BEAST, BEAUti, Tracer, TreeAnnotator, LogCombiner, para la estimación de tiempos de divergencia, incluyendo la selección y aplicación de calibraciones del registro fósil. Así como la aplicación de distintas librerías en R (CorHMM, Phytools, Ape) para la estimación de estados ancestrales.

### **Metodología**

Cada sesión del taller consta de dos horas de teórica y dos horas de práctica, con 10 minutos de descanso entre bloque. Cada alumno:

- Conocerá los modelos para estimar tiempos de divergencia y estados ancestrales.
- Aprenderá a establecer puntos de calibración.
- Realizará un fechamiento molecular con calibraciones.
- Interpretará los resultados obtenidos.

### **Contenido temático y programación**

Día 1 (18 de octubre)

- I. Introducción a métodos macroevolutivos usando filogenias moleculares como base.
- II. Breve introducción a la estimación bayesiana.
- III. Fechamiento usando relojes moleculares relajados.
  - a. Introducción a los relojes moleculares.
  - b. Puntos de calibración.
  - c. Registro fósil.
  - d. Parámetros del modelo
- IV. Sesión práctica. Tutorial de fechamiento molecular.

Día 2 (19 de octubre)

- V. Introducción al método comparado.
- VI. Reconstrucción de estados ancestrales.

- a. Métodos paramétricos para estimar estados ancestrales.
  - b. Modelos de evolución de caracteres morfológicos.
  - c. Parámetros del modelo.
  - d. Selección de modelos.
- VII. Sesión práctica. Tutorial de reconstrucción de estados ancestrales usando caracteres discretos.

### **Bibliografía**

- Baum D y Smith SD. 2012. Tree Thinking: An introduction to phylogenetic biology. Macmillan Learning. 496p.
- Drummond AJ, Ho SYW, Phillips MJ, Rambaut A. 2006. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. PLOS Biol 4: E88.
- Heath T. 2017. Divergence Time Estimation using BEAST v2.\*Dating Species Divergences with the Fossilized Birth-Death Process. Source URL: <https://taming-the-beast.github.io/tutorials/FBD-tutorial/>
- Huelsenbeck JP, Nielsen R, Bollback JP. 2003. Stochastic mapping of morphological characters. Systematic Biology 52(2): 131-158.
- Lewis PO. 2001. A likelihood approach to estimating phylogeny from discrete morphological character data. Systematic Biology 50(6): 913-925.
- O'Meara BC. 2012. Evolutionary inferences from phylogenies: A review of methods. Annual Reviews in Ecology, Evolution and Systematics 43: 267-285.
- Pagel M. 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. Nature 401: 877-884.
- Paradis E. 2012. Analysis of phylogenetics and evolution with R. 2a Edición. Serie Use R! Springer-Verlag New York. 386 p.
- Revell LJ. Phytools: An R package for phylogenetic comparative biology (and other things). Methods in Ecology and Evolution 3: 217-223.
- Sauquet H. 2013. A practical guide to molecular dating. Comptes Rendu Palevol 12: 355-367.