



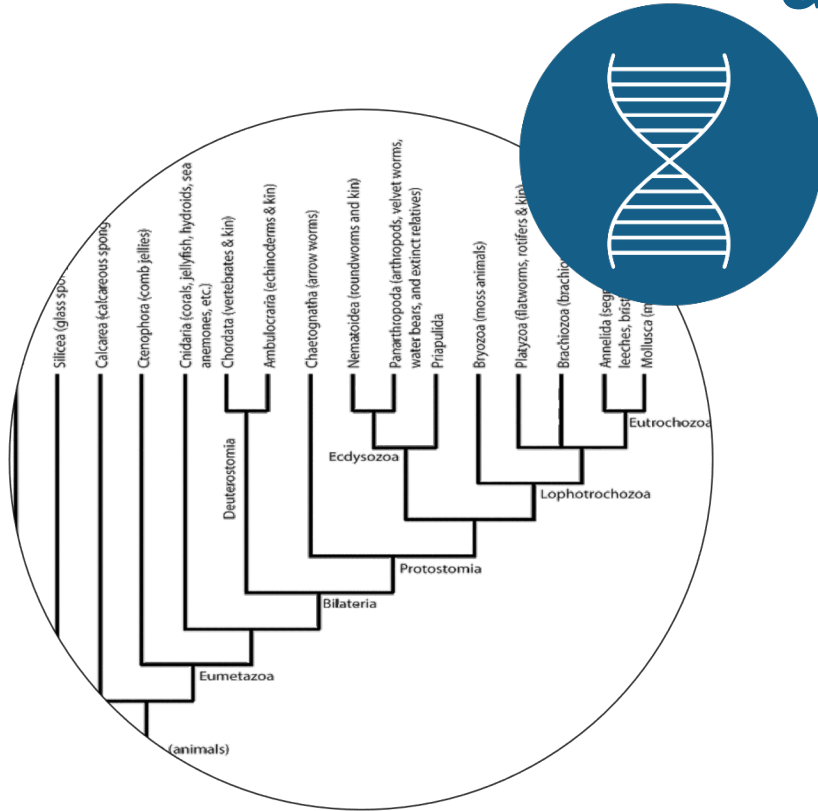
Análisis filogenético / Nociones avanzadas de análisis filogenético

CURSO DE FORMACIÓN ONLINE PARA INVESTIGADORES DEL BLUEBIOLAB

16 DE MARZO – 15 DE ABRIL DE 2021

Impartido por los profesores **Dr. Pablo Presa** (Fac. Biología, Uvigo) y **Dra. Montserrat Pérez Rodríguez** (Área Acuicultura, C.O Vigo, IEO)

22h duración modalidad online



Profesorado

Dr. Pablo Presa Martínez (profesor de Genética, Marine Genetic Resources Lab. Facultad de Biología, Universidade de Vigo, <http://rexenmar.webs.uvigo.es/>)

Dra. Montserrat Pérez Rodríguez (investigadora científica de OPIs, Centro Oceanográfico de Vigo, Instituto Español de Oceanografía)

Temario teoría

- Tema 1. Introducción a la filogenética. Árboles filogenéticos. Enraizamiento. Monofilia e polifilia. Caracteres y estados. Homología y homoplasia. Ortología y paralogía. Cladismo y fenética. Usos generales de las filogenias.
- Tema 2. Alineamiento de secuencias. Sustitución, inserción y delección. Alineamiento por pares. Alineamiento múltiple. Programas de alineamiento. Filtrado de alineamientos.
- Tema 3. Modelos de evolución molecular. Saturación. Probabilidad de cambio. Modelos de sustitución nucleotídica. Selección de modelos.
- Tema 4. Búsquedas filogenéticas. Caracteres vs. distancias. Algoritmos y optimalidad. Paisajes de árboles. Búsquedas exactas y aproximadas. Intercambios topológicos. Árboles consenso.
- Tema 5. Máxima parsimonia. Criterio de parsimonia. Reconstrucción de estados ancestrales. Atracción de las ramas largas.

Información del curso en

https://www.usc.gal/export9/sites/webinstitucional/gl/titulacions/masters_oficiais/master-acuicultura/descargas/guias/2020-21/Bt6_2020-21_gl.pdf

Temario teoría

- Tema 6. Métodos de distancias. Distancias patrísticas. Aditividad y ultrametricidad. Criterio de Fitch-Margoliash. Mínima evolución. Distancias corregidas. Métodos algorítmicos: UPGMA y NJ.
- Tema 7. Máxima verosimilitud. Concepto de verosimilitud. Cálculo de la verosimilitud en árboles. Reconstrucción de estados ancestrales. Parsimonia vs. verosimilitud.
- Tema 8. Inferencia Bayesiana. Probabilidades a priori y a posteriori. Teorema de Bayes. Bayes versus verosimilitud. Cadeas de Markov de Monte Carlo (MCMC). Muestreo y convergencia MCMC.
- Tema 9. Contrastes filogenéticos. Error filogenético. Bootstrap. Comparación de topologías. Tests del reloj molecular. Aplicaciones.

Temario Prácticas y Seminarios

- Práctica 1. Alineamiento, edición de secuencias y modelos de evolución molecular.
- Práctica 2. Máxima parsimonia y métodos de distancias.
- Práctica 3. Máxima verosimilitud y análisis Bayesiano
- Seminario. Evaluación de los casos aplicados