

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA

COORDINACIÓN DE FORMACIÓN BÁSICA
COORDINACIÓN DE FORMACIÓN PROFESIONAL Y VINCULACIÓN UNIVERSITARIA
PROGRAMA DE UNIDAD DE APRENDIZAJE

I. DATOS DE IDENTIFICACIÓN

1. **Unidad Académica:** Facultad de Ciencias
2. **Programa Educativo:** Licenciatura en Biología
3. **Plan de Estudios:** 2017-2
4. **Nombre de la Unidad de Aprendizaje:** Evolución Molecular
5. **Clave:** 028258
6. **HC:** 02 **HL:** 03 **HT:** 00 **HPC:** 00 **HCL:** 00 **HE:** 02 **CR:** 07
7. **Etapas de Formación a la que Pertenece:** Terminal
8. **Carácter de la Unidad de Aprendizaje:** Optativa
9. **Requisitos para Cursar la Unidad de Aprendizaje:** Ninguno

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA
DE BAJA CALIFORNIA
REGISTRADO
22 MAR 2018
REGISTRADO
COORDINACIÓN GENERAL
DE FORMACIÓN BÁSICA

Equipo de diseño de PUA

Carlos Alberto Flores López



Fecha: 17 de febrero de 2016

Firma

Vo.Bo. Subdirector

Leopoldo Morán y Solares

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA
DE BAJA CALIFORNIA



FACULTAD DE CIENCIAS

Firma



II. PROPÓSITO DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

La unidad de aprendizaje de Evolución Molecular se encuentra ubicada en la etapa terminal con carácter optativo. El propósito general de este curso es proveer la teoría y herramientas bioinformáticas más comúnmente usadas en los estudios de evolución, ecología molecular y genómica comparativa entre otros.

III. COMPETENCIA DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Identificar movimiento horizontal de genes, selección natural, filogenias mediante el uso de secuencias de ADN utilizando las bases de datos existentes e informática para explicar alguno de estos fenómenos en seres vivos con una actitud responsable.

IV. EVIDENCIA(S) DE DESEMPEÑO

Entrega de un proyecto donde se discutan los fundamentos aplicados a un caso de estudio utilizando ADN y análisis informáticos

V. DESARROLLO POR UNIDADES

UNIDAD I. Introducción a la Evolución Molecular

Competencia:

Evaluar la importancia y aplicación de los conceptos evolutivos mediante el análisis de secuencias de ADN su vinculación con el entorno socioeconómico de la actualidad, fomentando la responsabilidad social y del medio ambiente.

Contenido:

Duración: 6 horas

- 1.1. Mutaciones y el código genético (software: Seaview y CodonExplorer)
- 1.2. ADN no codificante
- 1.3. Homología Molecular
- 1.4. Alineamiento de dos secuencias (software: Seaview)
- 1.5. Alineamiento de secuencias múltiples mediante el uso de algoritmos (software: MUSCLE, MAFFT)
- 1.6. Remoción de regiones ambiguas mediante algoritmos (software: GBlocks)
- 1.7. Detección de recombinación en alineamientos de secuencias homólogas (software RDP3)

UNIDAD II. Técnicas de Secuenciación

Competencia:

Evaluar las herramientas utilizadas en la secuenciación de ADN y ensamblaje de genomas, con el fin de comprender las técnicas moleculares y bioinformáticas detrás de la genómica, la cual actualmente es una de las áreas Biológicas de mayor crecimiento tecnológico y científico por su gran aplicación con responsabilidad social.

Contenido:

Duración: 6 horas

- 2.1 Fundamentos de las técnicas de secuenciación Sanger
- 2.2 Fundamentos de las técnicas de secuenciación de nueva generación (Illumina, Roche, IonTorrent y PacBio)
- 2.3 Ensamblaje de genomas
- 2.4 Anotación de genomas
- 2.5 Análisis de genomas (software: UCSC genome browser)

UNIDAD III. Estimación de filogenias moleculares

Competencia:

Examinar los métodos actuales en la reconstrucción de árboles filogenéticos, a partir del uso de secuencias de ADN, con el fin de reconstruir la historia evolutiva de diversos grupos taxonómicos, con organización y disciplina.

Contenido:**Duración: 8 horas**

- 3.1. Modelos de sustitución de ADN (software: jModeltest)
- 3.2. Fundamentos de filogenética y sus aplicaciones
- 3.3. Distancias Filogenéticas
- 3.4. Filogenias de genes y especies
- 3.5. Construcción de superárboles
- 3.6. Análisis de verosimilitud máxima (software: PAUP y RaxML)
- 3.7. Análisis Bayesianos (software: Mr Bayes)
- 3.8. Evaluación de los límites de confianza en filogenias
- 3.9. Análisis de Shimodaira-Hasegawa para la evaluación de congruencia en topologías (software: PAUP)

UNIDAD IV. Modelos de evolución molecular

Competencia:

Examinar los modelos de evolución molecular que nos permiten hacer inferencias evolutivas con respecto a las adaptaciones fenotípicas y genómicas, mediante la utilización de secuencias de ADN, para identificar regiones genómicas con evidencia de selección natural, con una actitud analítica y respetuosa.

Contenido:

Duración: 8 horas

- 4.1 Modelos clásicos del proceso evolutivo
- 4.2 Costo de selección natural vs. selección neutral
- 4.3 Tasas de sustituciones y restricciones funcionales
- 4.4 Patrones de composición nucleotídica y uso sesgado de codones
- 4.5 Reloj molecular
- 4.6 Teoría neutral de evolución molecular
- 4.7 Teoría casi neutral de evolución molecular
- 4.8 Variación genética entre especies
- 4.9 Medición de selección natural al nivel molecular
- 4.10 Reconstrucción de proteínas ancestrales
- 4.11 Duplicaciones genéticas y genómicas
- 4.12 Fechamiento de duplicaciones

UNIDAD V. Análisis genómicos

Competencia:

Examinar las características y patrones genéticos más comúnmente medidos en la genómica, así como la relevancia e historia evolutiva detrás de los mismos, con el fin de aplicar la genómica para resolver problemas actuales, como la evolución de nuevos patógenos, fomentando la responsabilidad social y del medio ambiente.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 5.1 Elementos transponibles
- 5.2 Movimiento horizontal de genes
- 5.3 Evolución del tamaño de genomas
- 5.4 Paradoja C
- 5.5 Evolución de ADN no codificante
- 5.6 Elementos repetitivos
- 5.7 Genomas dinámicos
- 5.8 Porcentaje de GC en genomas y su utilidad evolutiva

VI. ESTRUCTURA DE LAS PRÁCTICAS

No. de Práctica	Competencia	Descripción	Material de Apoyo	Duración
1	<p>Emplear la plataforma de Seaview mediante el uso de secuencias de ADN obtenidos a partir del banco de genes, con el fin de relacionar los efectos de las mutaciones en el fenotipo de las proteínas traducidas, con organización y disciplina.</p>	<p>Se utilizara el banco de genes (GenBank) para la construcción de una base de datos personalizada, que consistirá en la utilización de una región codificante de ADN. Cada estudiante trabajara con un grupo taxonómico distinto. La secuencia codificante que se descargue del banco de genes se almacenara en el programa de Seaview, para posteriormente comenzar a incorporar distintos tipos de mutaciones para que el estudiante analice los distintos efectos que tienen las mutaciones sobre la proteína codificada.</p>	<p>Acceso a una computadora e internet. Descargar el programa gratuito Seaview.</p>	4 horas
2	<p>Aplicar el uso de distintos algoritmos de alineamientos de secuencias, mediante el uso de secuencias de ADN, con el fin de contrastar la identificación de regiones homólogas, con organización y disciplina.</p> <p>Utilizar los algoritmos especializados en la detección de recombinación genética, a partir del uso de alineamientos de secuencias de ADN, para estimar</p>	<p>Se trabajara con la base de datos personalizada que fue elaborada en SeaView durante el primer taller. Con la base de datos personalizada cada estudiante se familiarizara con el uso de tres algoritmos distintos (Clustal, MUSCLE y MAFFT) y analizara las diferencias entre los alineamientos producidos en sus bases de datos y en bases de datos provistos por el profesor.</p> <p>Utilizando bases de datos de alineamientos con diversos niveles de polimorfismo genético, se utilizara el programa RDP3 para probar distintas hipótesis de</p>	<p>Acceso a una computadora e internet. Descargar el algoritmo de MAFFT y Gblocks.</p> <p>Acceso a una computadora. Descargar el programa gratuito RDP3</p>	<p>4 horas</p> <p>4 horas</p>

	secuencias que han sufrido eventos de recombinación genética, con organización y disciplina.	recombinación genética.		
4	Emplear la plataforma de UC Santa Cruz, mediante el uso de genomas completos de organismos procariotas y eucariotas, con el fin de identificar las características empleadas en la anotación de genomas, con organización y disciplina.	Utilización del browser de la Universidad de California de Santa Cruz, para la realización de un ejercicio de genómica comparativa.	Acceso a una computadora e internet.	4 horas
5	Aplicar los métodos de distancia y parsimonia para la reconstrucción de árboles filogenéticos, a partir del uso de alineamientos de secuencias de ADN, con el fin de reconstruir árboles filogenéticos con una actitud analítica y respetuosa.	Se utilizara el programa de PAUP, para enraizar las filogenias y reconstruir árboles filogenéticos a partir de los métodos de distancia y parsimonia.	Acceso a una computadora e instalación de software: PAUP y Figtree	4 horas
6	Utilizar el programa de jModeltest, mediante el uso de los alineamientos de ADN construidos previamente, con el fin de estimar los modelos más apropiados de sustitución de ADN aplicados a cada alineamiento, con organización y disciplina.	A partir de un criterio de Aikike y un criterio Bayesiano se estimaran los modelos de sustitución de ADN más apropiados para cada alineamiento a través del programa de jModeltest, ya que se requiere tener la información de los modelos para la reconstrucción de árboles filogenéticos Bayesianos y de verosimilitud máxima.	Computadora e instalación de software jModelTest	4 horas
7	Emplear los programas MrBayes, PAUP y RaxML mediante el uso de los modelos de sustitución de	Se reconstruirá la historia evolutiva de las secuencias presentes en los alineamientos de	Computadora e instalación de software MrBayes, PAUP y RaxML	6 horas

	ADN y los alineamientos de secuencias de ADN, con el fin de reconstruir árboles filogenéticos, con organización y disciplina.	ADN, a partir de los análisis Bayesianos y de verosimilitud máxima empleados en los programas MrBayes, PAUP y RaxML.		
9	Aplicar los modelos de la teoría neutral mediante el uso de los alineamientos de ADN, con el fin de estimar los tiempos de divergencia en las especies utilizadas, con organización y responsabilidad.	Se estimaran los tiempos de divergencia en un grupo de organismos, vía la utilización de secuencias de ADN. Los programas a utilizarse son BEAUTI, BEAST y TRACER.	Computadora e instalación de software BEAUTI, BEAST y TRACER	6 horas
10	Utilizar los modelos de la teoría neutral de evolución molecular, a partir de los alineamientos de secuencias homólogas de ADN, con el fin de estimar el nivel de selección natural actuando en dichos genes, con organización y responsabilidad.	Se estimara aquellos sitios y linajes que se encuentren bajo selección positiva y negativa en los alineamientos utilizados. Para esto se utilizaran distintos algoritmos empleados en las plataformas de PAML y Datamonkey.	Acceso a una computadora e internet. Descargar el programa PAML	6 horas
11	Emplear las tasas de sustituciones sinónimas mediante los alineamientos de secuencias de ADN, con el fin de estimar la edad de las duplicaciones de genes en un genoma de cualquier especie, con responsabilidad y disciplina.	Con el fin de calcular la edad de las duplicaciones de genes, se identificarán todos los genes parálogos dentro de un genoma eucariota, para posteriormente alinear cada uno de los sets de genes parálogos y así poder estimar la tasa de sustituciones sinónimas en los parálogos, lo que finalmente nos permitirá calcular la edad de cada una de las duplicaciones en el genoma.	Acceso a una computadora e internet. Descargar el programa BLAST	6 horas

VII. MÉTODO DE TRABAJO

Se impartirán clases en forma de exposiciones por el maestro. El estudiante deberá de analizar en equipo artículos contemporáneos en los que se describen las herramientas utilizadas en Evolución Molecular para posteriormente discutir en forma los fundamentos detrás de las técnicas bioinformáticas utilizadas para así realizar un análisis integral de la teoría y las técnicas utilizadas. Durante los laboratorios los alumnos pondrán en práctica los conceptos teóricos y prácticos mediante la realización de análisis Bioinformáticos con bases de datos compuestos de secuencias de ADN, que cada alumno tendrá que construir. Al final del curso el estudiante deberá elaborar realizar un proyecto final en donde se analicen secuencias de ADN, para contestar una pregunta de naturaleza evolutiva. Los resultados del proyecto se entregaran en el formato de un reporte y exposición al finalizar el curso.

VIII. CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Criterios de evaluación

- | | |
|---------------------------------------|------|
| 1. Exámenes parciales (un total de 3) | 60 % |
| 2. Taller | 20 % |
| 3. Proyecto final | 20 % |

Criterio de acreditación

Alumnos que no acrediten un 60/100 del promedio final deberán presentar examen ordinario o extraordinario, según corresponda.

Para la acreditación del curso se atenderá al Estatuto Escolar Vigente, artículos 70-71, por lo que el estudiante deberá contar un mínimo de 80% de asistencias en el periodo. Tener un mínimo aprobatorio de 60 en su calificación final.

IX. BIBLIOGRAFÍA

Básica

Básica

1. Ziheng Yang. Molecular Evolution. A Statistical Approach. 2014. Oxford University Press.
2. Dan Graur. Molecular and Genome Evolution. 2016. Sinauer Associates.
3. Lindell Bromham. An Introduction to Molecular Evolution and Phylogenetics. 2016. Oxford University Press.
4. Greg Gibson & Spencer Muse. A Primer of Genome Science. 2009. Editorial Sinauer. [clásico]
5. Drummond, A.J.& Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. BMC evolutionary biology Vol 7, pp214 [clásico].
6. Posada, D. 2008. J ModelTest: phylogenetic model averaging. Mol. Biol. Evol. 25(7): 1253-6 [clásico]
7. Stamatakis A., Hoover P., Rougemont J. 2008. A rapid bootstrap algorithm for the RaxML Web servers. Systematic biology. Vol 57(5): 758-71 [clásico]

Complementaria

Complementaria

1. Posada, D. 2008. J ModelTest: phylogenetic model averaging. Mol. Biol. Evol. 25(7): 1253-6 [clásico]
2. Edgar, R.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Res. 32(5): 1792-7 [clásico]

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/>

X. PERFIL DEL DOCENTE

Biólogo, área afín, o con posgrado de ciencias naturales, o experiencia probada en el área y en la docencia.