



DATOS DE LA ASIGNATURA

Denominación: FILOGENIAS Y ANÁLISIS DE DATOS GENÉTICOS

Código: 15706

Plan de estudios: MÁSTER UNIVERSITARIO EN BIOTECNOLOGÍA MOLECULAR, CELULAR Y GENÉTICA

Curso: 1

Créditos ECTS: 4

Horas de trabajo presencial: 40

Porcentaje de presencialidad: 40%

Horas de trabajo no presencial: 60

Plataforma virtual: <http://www3.uco.es/moodle/course/view.php?id=11271>

DATOS DEL PROFESORADO

Profesorado responsable de la asignatura

Nombre: ALONSO MORAGA, MARIA ANGELES

Centro: FACULTAD DE CIENCIAS

Departamento: GENÉTICA

Área: GENÉTICA

Ubicación del despacho: EDIFICIO GREGOR MENDEL, 1ª PANTA

e-Mail: ge1almoa@uco.es

Teléfono: 957 21 86 74

Otro profesorado que imparte la asignatura

Nombre: DORADO PEREZ, GABRIEL

Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Área: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Ubicación del despacho: Edificio Severo Ochoa. Campus Rabanales

e-Mail: bb1dopeg@uco.es

Teléfono: 957 2180 00

Nombre: HERNÁNDEZ MOLINA, PILAR

Centro: IAS, CSIC

Departamento:

Área: GENÉTICA

Ubicación del despacho: Planta Baja

e-Mail: ge1hemop@uco.es **Teléfono:** 957 499200

DATOS ESPECÍFICOS DE LA ASIGNATURA

REQUISITOS Y RECOMENDACIONES

Requisitos previos establecidos en el plan de estudios

Ninguno

Recomendaciones

Ninguna especificada.

OBJETIVOS

Conocer la estructura filogenética de los grandes taxa. Conocer qué datos genéticos se utilizan para generar filogenias. Trabajar las metodologías utilizadas para inferir filogenias y sus limitaciones. Conocer los modelos de evolución molecular. Manejar programas generalistas de reconstrucción filogenética. Estudiar el origen de la variabilidad de los datos científicos. Analizar las causas de esta variabilidad. Estudiar los diferentes métodos de estima de los parámetros que determinan esta variabilidad. Estudiar la utilidad de estos parámetros en la toma de decisiones sobre el modelo que explica los resultados científicos. Estudio de los métodos de análisis más usuales en las ciencias experimentales. Y realizar la resolución en ordenador mediante paquetes estadísticos.

COMPETENCIAS

CB1	Conocimiento en detalle de los procesos celulares y biomoleculares que permiten mejorar u obtener bienes y servicios biotecnológicos.
CB12	Que los y las estudiantes sepan comunicarse con sus colegas, con la comunidad académica en su conjunto y con la sociedad en general acerca de sus áreas de conocimiento.
CB2	Capacidad para concebir, diseñar y poner en práctica experimentos simples relacionados con la Biotecnología Molecular, Celular y Genética.
CB5	Capacidad para la aplicación de los conocimientos adquiridos y de resolver problemas en entornos nuevos o pocos conocidos dentro de contextos más amplios y multidisciplinares, siendo capaces de integrar estos conocimientos.
CE12	Ser capaz de aplicar los conocimientos adquiridos a la resolución de situaciones de decisión reales en el ámbito de la materia correspondiente.
CE4	Capacidad de comprender y saber aplicar el funcionamiento y organización de sistemas propios de la materia correspondiente.
CE5	Capacidad para comprender y poder aplicar conocimientos avanzados de sistemas propios de la materia correspondiente.
CU3	Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
CU6	Conocer y perfeccionar el nivel en el ámbito de las TICs.

CONTENIDOS

1. Contenidos teóricos

Tema 1: Base molecular de la evolución. Arqueología del genoma. Mecanismos de la evolución. Estructura y función de los genes.

Tema 2: Análisis de la variabilidad genética.

Tema 3: Uso de los Marcadores moleculares.

Tema 4: Árboles filogenéticos. Terminología. Reconstrucción de la historia de un carácter.

Tema 5: Medida del cambio evolutivo. Alineamiento de secuencias y homología. Distancias genéticas.

Tema 6: Reconstrucción de filogenias: métodos de distancias, de parsimonia, máxima verosimilitud y bayesiano. Error de muestreo.

Tema 7: Modelos de evolución molecular. Composición de bases y uso de codones. Reloj Molecular. Selección natural a nivel molecular.

Tema 8: Secuenciación de ácidos nucleicos y péptidos en el estudio de plantas y animales prehistóricos.

Tema 9: Transgénicos y marcadores moleculares, puedo explicar también.

Tema 10: Aplicación de la sintenia a los proyectos de secuenciación de genomas.

Tema 11: Uso y discusión de los programas de filogenias.

METODOLOGÍA

Actividades presenciales

Actividad	Total
<i>Actividades de evaluación</i>	1
<i>Análisis de documentos</i>	5
<i>Debates</i>	5
<i>Lección magistral</i>	21
<i>Mapas conceptuales</i>	1
<i>Seminario</i>	2
<i>Tutorías</i>	5
Total horas:	40

Actividades no presenciales

Actividad	Total
<i>Análisis</i>	10
<i>Búsqueda de información</i>	10
<i>Consultas bibliográficas</i>	10
<i>Ejercicios</i>	10
<i>Estudio</i>	10
<i>Problemas</i>	10
Total horas:	60

MATERIAL DE TRABAJO PARA EL ALUMNADO

Casos y supuestos prácticos - *Depositados en el aula virtual*

Cuaderno de Prácticas - *Depositados en el aula virtual*

Dossier de documentación - *Depositados en el aula virtual*

Ejercicios y problemas - *Depositados en el aula virtual*

Manual de la asignatura - *Depositados en el aula virtual*

EVALUACIÓN

Instrumentos	Porcentaje
Casos y supuestos prácticos	15%
Escalas de actitudes	10%
Listas de control	25%
Pruebas de ejecución de tareas reales y/o simuladas	20%
Pruebas de respuesta corta	10%
Resolución de problemas	20%

Periodo de validez de las calificaciones parciales: *El curso vigente.*

BIBLIOGRAFÍA

1. Bibliografía básica:

Freeman and Herron. Evolutionary Analysis. Prentice Hall.

Muñoz Serrano, A. 2002. Estadística Aplicada Uni y Multivariante. E.; Consejería de Agricultura y Pesca. Sevilla (España).

Nei M. and Kumar S. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.

Page R.D.N. and Holmes E.C. 1998. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach. Ed. Blackwell Science.

Weir B.S. 1996. Genetic Data Analysis II. Ed. Sinauer.

Excoffier L. and Lischer H. 2009. Arlequin. An Integrated software Package for Population Genetics Data Analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>.

2. Bibliografía complementaria:

Cuadras, C.M. 1981. Métodos de Análisis Multivariante. Ed:EUNIBAR. Barcelona (España).

Dagnelie, P. 1982. Analyse Statistique à Plusieurs Variables. Ed: Les Presses Agronomiques De Gembloux. Gembloux (Belgique).

Dopazo H. <http://bioinfo.cipf.es>

Sokal, R. R. and F. J. Rohlf. 1995. Biometry: the principles and practice of statistics in biological research. E.: W. H. Freeman, New York (USA).

<http://evolution.berkeley.edu/evosite/>