



UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA

VISTO:

El Expte. de la Universidad Nacional de Córdoba N° 0025511/2011 por el cual la Biól. Cristina COSTA solicita autorización para el dictado del Taller de Biología Aplicada "METODOLOGÍAS APLICADAS A LA SISTEMÁTICA MOLECULAR" para la Carrera de CIENCIAS BIOLÓGICAS; y

CONSIDERANDO:

Que cuenta con el aval de Escuela de BIOLOGÍA a fs. 49 y de la Secretaría Académica Área Ciencias Naturales a fs. 74 vta.;

Lo aconsejado por la Comisión de ENSEÑANZA;

EL H. CONSEJO DIRECTIVO DE LA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

RESUELVE:

Art. 1º.- Autorizar el dictado del Taller de Biología Aplicada "METODOLOGÍAS APLICADAS A LA SISTEMÁTICA MOLECULAR" para la Carrera de CIENCIAS BIOLÓGICAS, de 45 (cuarenta y cinco) horas de duración.

Art. 2º.- Designar a la Biól. Cristina COSTA como responsable de dicho Taller.

Art. 3º.- Aprobar el Programa de Actividades y Temario a desarrollar que como ANEXO I forma parte de la presente Resolución.

Art. 4º.- Dese al Registro de Resoluciones, comuníquese a la Secretaría Académica Área Ciencias Naturales y gírense las presentes actuaciones a la Escuela de BIOLOGÍA a fin de notificar a la interesada.
DADA EN LA SALA DE SESIONES DEL H. CONSEJO DIRECTIVO EN LA CIUDAD DE CÓRDOBA, A LOS QUINCE DÍAS DEL MES DE JUNIO DEL AÑO DOS MIL DOCE.


Prof. Ing. DANIEL LAGO
SECRETARÍA GENERAL
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA




Prof. Ing. HECTOR GABRIEL TAVELLA
DECANO
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
Universidad Nacional de Córdoba

RESOLUCION N° 543 - H.C.D. - 2012.-

Vpr/

Av. Vélez Sarsfield 1600
5016 CORDOBA - República Argentina



Teléfono: (0351) 4334139/4334140
Fax: (0351) 4334139

ANEXO I DE LA RESOLUCION Nº 543 - HCD -2012.-

 UNIVERSIDAD NACIONAL DE CÓRDOBA Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales República Argentina	Programa de: Herramientas y Metodologías Aplicadas a la Sistemática Molecular			
	Código: Carrera: <i>Ciencias Biológicas</i> Escuela: <i>Biología</i> Departamento: <i>Diversidad Biológica y Ecología</i> <i>Taller de Biología Aplicada</i>	Plan: 90 Carga Horaria: 45 Semestre: Créditos: 4,5 Hs. Semanales: 8 Año: 2012		
Objetivos: <i>Proveer al alumno de los conceptos teóricos y metodológicos para el abordaje de la sistemática desde una perspectiva de evidencia total.</i> <i>Capacitar al mismo en la construcción y análisis de árboles filogenéticos mediante el manejo de técnicas moleculares, análisis de datos y evaluación de resultados.</i>				
Programa Sintético: 1. Introducción a la Sistemática. 2. Caracteres como evidencia de la evolución. 3. Métodos aplicados a la sistemática evolutiva. 4. Técnicas moleculares y prácticas de laboratorio 5. Filogeografía.				
Programa Analítico: de foja 2 a foja 3.				
Programa Combinado de Examen (si corresponde): de foja a foja.				
Bibliografía: de foja 4 a foja 4.				
Correlativas Obligatorias: <i>Genética, Diversidad Animal II y Diversidad Vegetal II</i>				
Rige:				
Aprobado HCD, Res.: Fecha:	Modificado / Anulado / Sust. HCD Res.: Fecha:			
El Secretario Académico de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (UNC) certifica que el programa está aprobado por el (los) número(s) y fecha(s) que anteceden. Córdoba, / /				
Carece de validez sin la certificación de la Secretaría Académica:				



LINEAMIENTOS GENERALES

La asignatura **Herramientas y Metodologías Aplicadas a la Sistemática Molecular** esta orientada al ciclo superior de la carrera de Ciencias Biológicas y proporcionará una base sólida de conocimientos teóricos y prácticos sobre aspectos fundamentales de la sistemática tales como, la Taxonomía, la Evolución, las Escuelas de Clasificación y las Herramientas tanto de Laboratorio como Computacionales.

La Sistemática en general y la sistemática molecular en particular, es la disciplina que mediante información molecular intenta reconstruir los patrones y eventos que han dado lugar a la distribución y diversidad actual de los organismos. La cladística es el método de uso común para clasificar organismos y estos análisis son explícitamente evolutivos. También es posible comparar a los descendientes de ancestros comunes para reconocer los patrones de origen y extinción de grupos, o investigar las relaciones de tamaño y diversidad de los grupos, preguntas constantes en el ámbito de la biogeografía, evolución y conservación de la biodiversidad.

La asignatura engloba aspectos básicos de la temática, abarcando desde la exploración de bases de datos de secuencias de ADN, determinación e interpretación de homologías, alineamiento de secuencias múltiples y el ajuste de modelos de sustitución a los datos, hasta la edición e interpretación de las topologías obtenidas mediante diversos métodos reconstrucción de árboles filogenéticos. Además, cubre de manera equilibrada los principios teóricos subyacentes a diversos métodos de inferencia filogenética (distancia, parsimonia, máxima verosimilitud), así como el aprendizaje de programas específicos para dichas inferencias, usando datos reales obtenidos de las bases de datos virtuales y las propias del grupo de trabajo. Asimismo, es de destacar que se introducirán las características más sobresalientes de los genomas presentes en plantas y animales: nuclear, mitocondrial y cloroplástico desde un punto de vista evolutivo e incluirán la base teórica de la evolución de los genes y genomas y de los métodos desarrollados para su análisis.

Los laboratorios de computación profundizarán en la exploración de bases de datos genómicas, métodos de análisis comparativo de secuencias nucleotídicas y principios generales de análisis filogenéticos. El enfoque del dictado se orienta a proveer al alumno de las herramientas necesarias para que pueda analizar y construir hipótesis filogenéticas de los seres vivos.

RESPONSABLE: Dra. Cristina Costa

DOCENTES PARTICIPANTES: Dres. Ana Anton, Raquel Scrivanti, Jimena Nores, Jorge Chiapella. Becarios: Lic. Leonardo Amarilla, Biól. Nicolás Nagahama.

TRIBUNAL EXAMINADOR:

Titulares: Biol. Cristina Costa, Dra. Noemí Gardenal, Dr. Luis Acosta

Suplente: Dra. María Teresa Cosa



PROGRAMA ANALITICO

METODOLOGIA DE ENSEÑANZA

Las clases impartidas serán teóricas y prácticas. Las actividades teóricas se desarrollarán a través de exposiciones dialogadas del docente orientadas a desarrollar en los alumnos la capacidad detectar problemas sistemáticos, generar hipótesis, pensar y diseñar diferentes métodos experimentales, obtener datos relevantes de acuerdo al problema, utilizar diferentes herramientas para el análisis de esos datos y evaluar los resultados obtenidos. Durante el desarrollo de los Trabajos Prácticos se realizan actividades que le permiten al estudiante poner en práctica las habilidades y verificar los criterios desarrollados así como la realización de actividades de proyecto y diseño, para esto aplicarán técnicas moleculares básicas como extracción de ADN, amplificación de fragmentos genómicos por PCR y evaluación por electroforesis en geles de agarosa. Se utilizarán programas de edición de secuencias y de construcción de hipótesis filogenéticas. Se Discutirán artículos científicos seleccionados para comprender cómo se aplican las técnicas expuestas o como se estudian los distintos aspectos de la sistemática. Se leerán bibliografía específica para el análisis de los temas, creando espacios para reflexionar, ejercitar y afianzar el pensamiento crítico.

EVALUACION

Condiciones para la aprobación de la materia

- 1.- Tener aprobadas las materias correlativas.-
- 2.- Asistir al 80% de las clases teóricas y al 100% de las clases prácticas.-
- 3.- Aprobar todos y cada uno de los temas del parcial con nota no inferior a siete (7).
- 4.- Presentar y aprobar los trabajos que se exijan durante el desarrollo de los trabajos prácticos.-

Las instancias de evaluación son: una exposición oral grupal (tres integrantes) y un parcial final escrito. Para la instancia oral los alumnos deberán presentar el análisis y discusión de un artículo científico. El profesor sólo será moderador y aclarará los aspectos más complejos. Para la instancia escrita deberán elaborar esquemas filogenéticos a partir de una secuencia dada y una base metodológica a elección con discusión de los resultados obtenidos. Los alumnos que no hayan obtenido 7 o más puntos como promedio de las dos instancias de evaluación o por no cumplir con la asistencia requerida o estar ausente en alguna evaluación sin justificación previa, tendrán que rendir un examen final.

CONTENIDOS TEMATICOS

Unidad 1. Introducción a la Sistemática

Generalidades y conceptos básicos. Historia de la clasificación de plantas y animales. Jerarquía Linneana, taxones y categorías taxonómicas. Conceptos de especie. Clasificaciones Biológicas, Clasificaciones tradicionales. Taxonomía fenética, evolutiva y cladística. Etapas de un estudio sistemático. Definición de carácter taxonómico, fuentes de datos, evidencia fósil y actual. Clasificación de caracteres: Morfológicos, Fisiológicos, Cromosómicos, Proteicos, Moleculares, Ecológicos, Etológicos y Bio-geográficos. Selección y registro de caracteres. Planteo de hipótesis.

Unidad 2. Caracteres como evidencia de la evolución

Teorías de la evolución. Selección natural. Teoría neutral de la evolución molecular. Modelos de evolución molecular. Evolución genómica: nuclear, mitocondrial y mitocondrial. Substituciones



silenciosas o no-sinónimas. Genes ortólogos, parálogos, xenólogos. Caracteres plesiomórficos, apomórficos, sinapomórficos y autoapomórficos. Caracteres congruentes, consistentes y homoplásicos, convergencias, paralelismos y reversiones. Conceptos Hennigiano. Grupos monofiléticos, polifiléticos y parafiléticos. Caracteres binarios y multi-estado, Codificación. Ventajas y desventajas de los distintos métodos de codificación. Caracteres faltantes e inaplicables. Transformación entre caracteres: orden y polaridad.

Unidad 3. Métodos aplicados a la sistemática evolutiva

Introducción al análisis cladístico. El principio de Parsimonia. Criterios de optimalidad. Árboles de Wagner. Construcción y Búsquedas de árboles filogenéticos. Longitud de ramas. Polaridad de caracteres y enraizamiento. Optimización de árboles. Bootstrap, Consensos y ambigüedades. Análisis mediante Maximum Likelihood y Bayesiano. Ventajas y desventajas respecto de la cladística. Interpretación de filogenias. Redes e Incongruencias filogenéticas. Programas informáticos: TNT, PAUP, MrBayes, SplitsTree.

Unidad 4. Técnicas moleculares y prácticas de laboratorio

Extracción de ADN, Reacción en cadena de la polimerasa (PCR), Separación y observación de fragmentos de ADN por electroforesis en soporte de agarosa. Principios y fundamentos. Secuenciación del ADN. Edición, alineamiento y análisis de secuencias mediante programas informáticos. Construcción de árboles filogenéticos.

Unidad 5. Filogeografía

Introducción a la Filogeografía. Medidas de diversidad molecular haplotípica y nucleotídica: regiones codificadoras y no codificadoras. Teoría de la coalescencia. Prototipos de especiación; simpatria, alopatria, contacto primario y secundario. Indicadores de diferenciación y flujos génicos. Correlaciones genéticas y ambientales. Evolución y Filogenia en el marco de la diversidad y conservación, especies ancestrales, centros de orígenes y endemismos. Redes filogenéticas. Análisis de clados anidados. Aplicaciones prácticas.

LISTADO DE ACTIVIDADES PRACTICAS Y/O DE LABORATORIO

1. Extracción de ADN. Selección y acondicionamiento del material según modelo de estudio. Resolución de situaciones problemáticas. Visualización y semicuantificación del ADN obtenido por electroforesis en geles de agarosa.
2. Amplificación por PCR de genes nucleares, mitocondriales y cloroplásticos. Visualización y evaluación de los fragmentos amplificados por electroforesis. En el laboratorio de computación explorarán y obtendrán secuencias a través de bases de datos como GenBank, EMBL, DJJ, TAIR.
3. Tratamientos y análisis de datos. Edición, alineamiento y análisis de secuencias. Se aplicarán programas informáticos tales como Bioalign, BioEdit y MEGA, MacClade. Tratamiento y codificación de datos morfológicos y geográficos para utilizarlos en programas como TNT e InfoGen.

[Handwritten signature]



4. Obtención de árboles filogenéticos mediante diferentes métodos de análisis tales como, parsimonia, Maximum Likelihood y Bayesiano, a través de los programas MacClade, PAUP, TNT, MrBayes y SplitsTree. Discusión y evaluación de los resultados obtenidos.

DISTRIBUCION DE LA CARGA HORARIA

ACTIVIDAD	HORAS
TEÓRICA	20
FORMACIÓN PRACTICA:	
○ FORMACIÓN EXPERIMENTAL	10
○ RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS	11
○ EVALUACION	4
TOTAL DE LA CARGA HORARIA	45

DEDICADAS POR EL ALUMNO FUERA DE CLASE

ACTIVIDAD		HORAS
PREPARACION TEÓRICA		12
PREPARACION PRACTICA		
	RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS	8
	PROYECTO Y DISEÑO	4
	TOTAL DE LA CARGA HORARIA	24

Cronograma

Fecha	Teóricos	Prácticos
1	Unidad 1. Introducción a la Sistemática. Generalidades y conceptos básicos. Historia de la clasificación de plantas y animales. Jerarquía Linneana, taxones y categorías taxonómicas. Conceptos de especie. Clasificaciones Biológicas, Clasificaciones tradicionales. Taxonomía fenética, evolutiva y cladística. Etapas de un estudio sistemático. Definición de carácter taxonómico, fuentes de datos, evidencia fósil y actual. Clasificación de caracteres: Morfológicos, Fisiológicos, Cromosómicos, Proteicos, Moleculares, Ecológicos, Etológicos y Bio-geográficos. Selección y registro de caracteres. Planteo de hipótesis.	Extracción de ADN, PCR, electroforesis y visualización de los fragmentos de PCR.
2	Unidad 2. Caracteres como evidencia de la evolución. Teorías de la evolución. Selección natural. Teoría neutral de la evolución molecular. Modelos de	Bases de datos: GenBank, EMBL, DJJ, TAIR. Obtención de secuencias. Análisis y alineamiento de secuencias.



	evolución molecular. Evolución genómica: nuclear, plastídica y mitocondrial. Substituciones silenciosas o no-sinónimas. Genes ortólogos, parálogos, xenólogos. Caracteres plesiomórficos, apomórficos, sinapomórficos y autoapomórficos. Caracteres congruentes, consistentes y homoplásicos, convergencias, paralelismos y reversiones. Conceptos Hennigiano. Grupos monofiléticos, polifiléticos y parafiléticos. Caracteres binarios y multi-estado, Codificación. Ventajas y desventajas de los distintos métodos de codificación. Caracteres faltantes e inaplicables. Transformación entre caracteres: orden y polaridad.	Programas informáticos de alineamiento de secuencias.
3	Unidad 3. Métodos aplicados a la sistemática evolutiva. Introducción al análisis cladístico. El principio de Parsimonia. Criterios de optimalidad. Árboles de Wagner. Construcción y Búsquedas de árboles filogenéticos. Longitud de ramas. Polaridad de caracteres y enraizamiento. Optimización de árboles. Bootstrap, Consensos y ambigüedades. Análisis mediante Maximum Likelihood y Bayesiano. Ventajas y desventajas respecto de la cladística. Interpretación de filogenias. Redes e Incongruencias filogenéticas. Programas informáticos: TNT, PAUP, MrBayes, SplitsTree.	Programas informáticos de reconstrucción de árboles bases de Parsimonia, Máxima Verosimilitud y Bayesiano
4	Unidad 4. Técnicas moleculares y prácticas de laboratorio. Extracción de ADN, Reacción en cadena de la polimerasa (PCR), Separación y observación de fragmentos de ADN por electroforesis en soporte de agarosa. Principios y fundamentos. Secuenciación del ADN. Edición, alineamiento y análisis de	Discusión de distintos métodos de análisis filogenéticos. Evaluación de árboles filogenéticos. Exposiciones orales



	secuencias mediante programas informáticos. Construcción de árboles filogenéticos.	
5	Unidad 5. Filogeografía. Introducción a la Filogeografía. Medidas de diversidad molecular haplotípica y nucleotídica: regiones codificadoras y no codificadoras. Teoría de la coalescencia. Prototipos de especiación; simpatria, alopatria, contacto primario y secundario. Indicadores de diferenciación y flujos génicos. Correlaciones genéticas y ambientales. Evolución y Filogenia en el marco de la diversidad y conservación, especies ancestrales, centros de orígenes y endemismos. Redes filogenéticas. Análisis de clados anidados. Aplicaciones prácticas.	Parcial escrito final

BIBLIOGRAFIA

- Baldwin, B.G. 1997. Adaptive radiation of the Hawaiian silversword alliance: congruence and conflict of phylogenetic evidence from nuclear and non-molecular investigation. Pp 103-128. in T.J. Givnish y J. Sytsma, eds. Molecular evolution and adaptive radiation. Cambridge Univ. Press, New York.
- Chase, M.W. y H.H. Hills 1991. Silicagel: An ideal material for field preservation of leaf samples for DNA studies. *Taxon* 40:215-220
- Doyle, J.J. & J.A. Doyle 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*. 39:783-791.
- Hill, R.S. 2001. Biogeography, evolution and palaeoecology of *Nothofagus* (Nothofagaceae): the contribution of the fossil record. *Aust J Bot* 49: 321-332.
- Hills, D.M., C. Mortiz & B.K. Mable 1996. Molecular Systematics. Sinauer Associates, Inc. Segunda Edición. Massachusetts. U.S.A. p 654.
- Kimura, M. The Neutral Theory of Molecular Evolution (Cambridge Univ. Press, Cambridge, 1983).
- Maddison, W.P. & D.R. Maddison 1992. Mac Clade: analysis of Phylogeny and character evolution. Ver. 3 Sinauer Assoc., Sunderland, MA.
- Sneath P. & R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco.
- Soltis, D.E, P.S. Soltis & J.J. Doyle 1998. Molecular Systematics of Plants II DNA Sequencing. Kluwer Academic Publishers. New York . U.S.A. p. 574
- Soreng R.J. y J.I. Davis 1998. Phylogenetics and character evolution in the grass family (Poaceae): simultaneous analysis of Morphological and Chloroplast DNA restriction site Character sets. *Bot. Rev.* 64: 1-85.
- Swofford, D.L. 2002. PAUP: Phylogenetics Analysis Using Parsimony. Sinauer Associates, Sunderland, MA.



- Taberlet P., L. Gielly, G. Pautou & J. Bouvet 1991. Universal primers for amplification of three non – coding regions of chloroplast DNA. *Plan Molecular Biology*. 17: 1105-1109
- White, T.J., T. Bruns, S. Lee & J. Taylor 1990. Amplification and direct secuenciation of funfal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In PCR protocols: A guide to methods and aplicaciones (M. Innes, D. Gelfand, J. Sninsky and T. White. Eds). pp. 315-322. Academic Press. San Diego.


Prof. Ing. DANIEL LAGO
SECRETARIO GENERAL
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA




Prof. Ing. HECTOR GABRIEL TAVELLA
DECANO
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
Universidad Nacional de Córdoba