

## **Programa de curso: Análisis comparativo filogenético**

**Sigla:** B-0692/ SP-8229

**Nombre del curso:** Análisis comparativo filogenético

**Ciclo en que se imparte:** I semestre 2016

**Créditos:** 2

**Horas lectivas:** 2 horas de teoría

**Horario:** Miércoles 13-14:50

**Requisitos:** Genética general (teoría y laboratorio), Ecología general (teoría y laboratorio)

**Correquisitos:** -

**Profesor:** Marcelo Araya Salas ([araya-salas@cornell.edu](mailto:araya-salas@cornell.edu))

**Número de estudiantes:** 12 de pregrado/ 5 postgrado

**Horas de consulta:** Jueves 13-15:00, Laboratorio de Bioacústica (170)

### **Descripción**

Este curso tiene como objetivo principal fomentar el uso del enfoque comparativo filogenético como una herramienta alternativa en estudios ecológicos y evolutivos. El curso pretende introducir a los estudiantes en los conceptos teóricos básicos del método comparativo filogenético moderno así como en su aplicación en la investigación biológica. Este curso se enfocará en describir en detalle los desarrollos teóricos más relevantes en esta área, demostrar por medio de prácticas los métodos analíticos comúnmente utilizados y brindar herramientas para la obtención y el manejo de datos de grupos de especies para su análisis desde una perspectiva comparativa (o comparada).

El método comparativo hace uso de las relaciones evolutivas de las especies (generalmente en la forma de árboles filogenéticos) para inferir los procesos que han generado los grupos taxonómicos actuales y sus rasgos, así como la asociación de estos procesos con regímenes selectivos. La creciente disponibilidad de árboles filogenéticos, de datos interespecíficos y de herramientas computacionales para el análisis cuantitativo de datos comparativos ha hecho de este enfoque una alternativa accesible y muy poderosa para entender los patrones biológicos. Este enfoque es de interés general ya que puede ser aplicado a cualquier grupo taxonómico o sistema, desde comportamientos complejos (e.g. migración, fenología reproductiva, resistencia de patógenos, evolución humana) y evolución de rasgos (e.g. floración, aprendizaje vocal, caracteres sexuales), hasta preguntas macroevolutivas (e.g. tamaño corporal en mamíferos, rangos de distribución de especies).

### **Objetivos**

1. Promover la perspectiva comparativa filogenética como una herramienta alternativa para comprender la evolución de especies y de sus rasgos.

2. Brindar los conceptos teóricos fundamentales para comprender los métodos comparativos en biología.
3. Familiarizar a los estudiantes con las aplicaciones más comunes de los métodos comparativos modernos.
4. Brindar las herramientas necesarias para la aplicación de técnicas filogenéticas comparativas en el programa R.
5. Proveer a los estudiantes con experiencia en la aplicación de métodos filogenéticos por medio de prácticas y proyectos de investigación.
6. Incentivar la producción científica por medio del aprovechamiento de herramientas computacionales y bases de datos de libre acceso.

### **Metodología y actividades para cumplir con los objetivos.**

Este curso pretende introducir a los estudiantes en los análisis comparativos filogenéticos siguiendo una dinámica teórico-práctica. Inicialmente se profundizará en los avances conceptuales sobre los que operan el método comparativo. A partir de estas bases el curso se enfocará en demostrar las bases teóricas de los métodos analíticos más comunes. La introducción a métodos analíticos irá acompañada de ejemplos prácticos en el uso de paquetes de manipulación y análisis de datos en el programa R así como de discusiones de artículos relevantes. Media hora semanal será utilizada para realizar manejo de datos, prácticas con herramientas de análisis o discusión de artículos. A partir de la segunda mitad del curso los estudiantes desarrollarán un proyecto donde aplicarán los métodos comparativos en algún grupo taxonómico de interés, aplicando los conocimientos adquiridos en el curso. Los proyectos serán presentados al final del semestre.

### **Contenido y cronograma**

- 9 de marzo.
  - Introducción al curso: Discusión del programa. Descripción del trabajo de investigación.
  - Introducción e historia de los análisis filogenéticos comparativos:
    - Desarrollo histórico
    - Principales contribuciones teóricas
    - Métodos comparativos modernos
    - Causalidad e inferencia estadística en los análisis comparativos
- 16 de marzo.
  - Métodos de reconstrucción filogenética:
    - Descripción general de las técnicas de construcción de árboles más comunes
    - Interpretación de árboles filogenéticos
    - Incertidumbre y limitaciones de las reconstrucciones filogenéticas

- Trabajo práctico: Introducción general al manejo de datos filogenéticos en R usando el paquete “ape”
  
- 23 de marzo. Semana Santa
  
- 30 de marzo.
  - Discusión del artículo: [Losos 2011](#)
  - Modelos evolutivos
    - Movimiento browniano
    - Selección estabilizadora (Ornstein–Uhlenbeck)
    - Cadenas de Markov para rasgos categóricos
    - Limitaciones de los modelos evolutivos
  - Practica: Simulación de modelos evolutivos en el paquete “ape” . Obtención de árboles filogenéticos con el paquete “treebase”
  
- 6 de abril.
  - Discusión del artículo: [Arnold y Nunn 2010](#)
  - Presentación y discusión grupal de ideas para los proyectos de investigación
  
- 13 de abril.
  - Métodos gráficos de visualización de datos comparativos
    - Principales formatos de visualización de filogenias
    - Mapeo de rasgos sobre filogenias
    - Morfo-espacios y visualización geográfica
  - Practica: Gráficos en el paquete de R “phytools”
  
- 20 de abril.
  - Estimación de rasgos ancestrales
    - Reconstrucción de rasgos continuos
    - Reconstrucción de rasgos discretos
    - Incertidumbre en la estimación de rasgos
  - Practica: estimación de rasgos ancestrales con los paquetes “ape” y “phytools”
  
- 27 de abril.
  - Señal filogenética
    - Inercia filogenética

- K de Blomberg y  $\lambda$  de Pagel
    - Señal filogenética, rasgos conservados y tasa evolutiva
  - Discusión del artículo [Revell et al. 2008](#)
  
- 4 de mayo.
  - Evolución correlacionada de rasgos continuos y categóricos
    - Inferencia estadística de datos filogenéticamente dependientes
    - Contrastes independientes
    - PGLS (cuadrados mínimos generalizados filogenéticos)
    - Supuestos y limitaciones de los PGLS
  - Discusión de artículo: [Freckleton et al. 2011](#)
  
- 11 de mayo.
  - Análisis de diversificación
    - Modelos “birth-death”
    - Modelos de sobrevivencia
    - Pruebas de mejor ajuste para modelos de diversificación
    - Índices y tasas de diversificación
  - Análisis de diversificación en los paquetes “ape” y “geiger”
  
- 18 de mayo. Presentación de anteproyectos
  
- 25 de mayo.
  - Adaptación y convergencia evolutiva
    - Evaluando el efecto de regímenes selectivos
    - Evolución correlacionada de rasgos continuos
    - Evolución correlacionada de rasgos discretos
  - Discusión de artículo: [Revell 2010](#)
  
- 1<sup>ero</sup> de junio.
  - Diversidad filogenética y estructura de comunidades
    - Dimensión filogenética de la biodiversidad
    - Métricas de la estructura filogenética de las comunidades
    - Patrones macroevolutivos de la biodiversidad
    - Aplicaciones en la conservación
  - Practica: Métricas de estructura filogenética de comunidades en el paquete “caper”

- 8 de junio.
  - Aplicaciones adicionales de los métodos comparativos
    - Análisis de vías filogenético
    - Regresión filogenética para datos binarios
    - Selección de modelos en análisis comparativos
  - Discusión de artículo: [Freckleton 2009](#)
  
- 15 de junio. Macroevolución y filogeografía
  - Paleodistribución de especies
  - Evolución de nicho ecológico
  
- 22 de junio. Presentación de proyectos
  
- 29 de junio. Presentación de proyectos

#### **Metodología y actividades para cumplir con los objetivos**

- Clases magistrales.
- Trabajo independiente de los estudiantes.
- Presentación y discusión de artículos científicos.
- Presentación escrita y discusión de una propuesta de investigación.
- Presentación oral (mini-simposio) y escrita de los resultados de los proyectos de investigación.

#### **Evaluación**

Presentación del anteproyecto	10%
Presentación escrita del proyecto de investigación	40%
Presentación oral del proyecto de investigación	20%
Discusión de artículos	20%
Participación en clase y en la discusión de artículos	10%

#### **Literatura sugerida**

- Arnold, C., & Nunn, C. 2010. Phylogenetic Targeting of Research Effort in Evolutionary Biology . *American Naturalist*. 176(5): 601-612.
- Blomberg, S. S. P., Jr, T. G., Ives, A. A. R., & Garland, T. 2003. Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution*. 57(4), 717–45.
- Felsenstein, J. 1985. Phylogenies and the Comparative Method. *American Naturalist*. 125(1): 1-15.

- Freckleton, R. P. 2009. The seven deadly sins of comparative analysis. *Journal of Evolutionary Biology*. 22(7), 1367–75.
- Freckleton, R. P., Cooper, N., & Jetz, W. 2011. Comparative methods as a statistical fix: the dangers of ignoring an evolutionary model. *American Naturalist*. 178(1), E10–7.
- Freckleton, R. P., Harvey, P. H., & Pagel, M. 2002. Phylogenetic analysis and comparative data: a test and review of evidence. *American Naturalist*. 160(6): 712–26.
- Garamszegi, Z. (Ed.). 2014. Modern phylogenetic comparative methods and their application in evolutionary biology: Concepts and practice (1st ed.). Berlin, Heidelberg: Springer.
- Hernández, C. E., Rodríguez-Serrano, E., Avaria-Llautureo, J., Inostroza-Michael, O., Morales-Pallero, B., Boric-Bargetto, D., Meade, A. 2013. Using phylogenetic information and the comparative method to evaluate hypotheses in macroecology. *Methods in Ecology and Evolution*. 4(5), 401–415.
- Losos, J.B. 2011. Convergence, adaptation, and constraint. *Evolution*, 65, 1827–1840.
- Medina-García, A., M. Araya-Salas, & T. F. Wright. 2015. Does vocal learning accelerate acoustic diversification? Evolution of contact calls in Neotropical parrots. *Journal of Evolutionary Biology*. 28(10), 1782-1792.
- Münkemüller, T., Lavergne, S., Bzeznik, B., Dray, S., Jombart, T., Schiffrers, K., & Thuiller, W. 2012. How to measure and test phylogenetic signal. *Methods in Ecology and Evolution*. 3(4), 743–756.
- Nunn, C.L.C. (2011). The comparative approach in evolutionary anthropology and biology. (1st ed.). University of Chicago Press.
- Pagel, M. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature*. 401, 877–884 (1999).
- Paradis, E. (2012). Analysis of Phylogenetics and Evolution with R. (2nd ed.). Berlin, Heidelberg: Springer.
- Revell, L. J. (2010). Phylogenetic signal and linear regression on species data. *Methods in Ecology and Evolution*. 1(4): 319–329.
- Revell, L. J., Harmon, L. J., & Collar, D. C. (2008). Phylogenetic signal, evolutionary process, and rate. *Systematic Biology*. 57(4): 591–601.

#### Recursos adicionales en internet

- <https://cran.r-project.org/web/views/Phylogenetics.html>
- [http://www.r-phylo.org/wiki/Main\\_Page](http://www.r-phylo.org/wiki/Main_Page)
- [http://www.anthrotree.info/wiki/projects/pica/The\\_AnthroTree\\_Website.html](http://www.anthrotree.info/wiki/projects/pica/The_AnthroTree_Website.html)
- <http://blog.phytools.org/>