

Taller Latinoamericano de Evolución Molecular
22 de Junio al 3 de Julio de 2009
Centro de Ciencias Genómicas – UNAM, Campus Morelos

Día/hora	Tema	Profesores
Lunes 22 de Junio		
10:00-10:15	Presentación del Taller	Pablo Vinuesa
10:15-12:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Linux, código fuente abierto (“open source”) y herramientas para filogenética y evolución molecular ● Terminales UNIX/Linux vs. Windows ● Comandos básicos de UNIX/Linux ● Tuberías de comandos UNIX/Linux 	Pablo Vinuesa
Receso 12:00-12:15		
12:15-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Introducción a Perl ● Búsqueda textual de genes en bases de datos – Sistema ENTREZ de NCBI ● Perl “one-liners” y tuberías de comandos UNIX/Linux para facilitar la manipulación de formatos y datos de secuencias y generación de reportes estadísticos. 	Pablo Vinuesa
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Formatos de datos de secuencia y herramientas “open source” para su interconversión ● Tasas de evolución y dominios estructurales de genes y proteínas ● El concepto y tipos de homología ● Alineamientos pareados de secuencias y búsqueda de homólogos en bases de datos de secuencias moleculares ● La familia BLAST – Teoría y práctica (BLASTN, BLASTP, BLASTX ...) 	Arturo Becerra / P. Vinuesa
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● La familia BLAST – Teoría y práctica (BLASTN, BLASTP, BLASTX ...) 	Arturo Becerra / P. Vinuesa
Martes 23 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Alineamiento múltiple de secuencias codificantes y ribosomales – Teor. y práct. (familia clustal, muscle, GreenGenes y RDPII) 	Pablo Vinuesa
Receso 11:30 – 11:50		
11:50-13:30	Sesión práctica BLAST, alineamientos múltiples y su edición con BioEdit, DAMBE, FaBox y scripts de Perl usando módulos de BioPerl	Pablo Vinuesa
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Clasificación de métodos filogenéticos – conceptos básicos sobre tipos de datos y métodos de reconstrucción ● Modelos de evolución molecular de secuencias (nt y aa) y distancias evolutivas 	Arturo Becerra / Pablo Vinuesa
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:15	<ul style="list-style-type: none"> ● Métodos de reconstrucción basados en matrices de distancias evolutivas ● Bootstrap 	Arturo Becerra
Miércoles 24 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Sesión práctica: DAMBE, MEGA4 y PHYLIP ● Perl para la automatización y construcción de tuberías de análisis filogenético y filogenómico 	Arturo Becerra / P. Vinuesa

Receso 11:30 – 11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Criterios de optimización I: Parsimonia 	Dave Gernandt
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	Sesión Práctica: PAUP* (distancias y parsimonia)	Dave Gernandt / P. Vinuesa
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:00	Sesión Práctica: PAUP* (distancias y parsimonia)	Dave Gernandt / P. Vinuesa
Jueves 25 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● criterios de optimización II: Máxima verosimilitud: selección de modelos y contraste de hipótesis 	Susana Magallón
Receso 11:30 – 11:50		
11:50-13:30	Sesión Práctica: Selección de modelos usando PAUP* (máxima verosimilitud)	Susana Magallón / P. Vinuesa
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	Sesión Práctica: Selección de modelos usando ModelTest y PAUP* (máxima verosimilitud); ModelGenerator	P. Vinuesa
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Nuevos algoritmos para inferencia de grandes filogenias y su aplicación en filogenómica (Supermatrices y Superárboles) ● Demostración de uso de PhyML usando datos de proteína y DNA 	P. Vinuesa
Viernes 26 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● criterios de optimización III: inferencia bayesiana de filogenias 	P. Vinuesa
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Inferencia bayesiana de filogenias (cont.) ● Introducción a MrBayes; 	P. Vinuesa
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Sesión Práctica: MrBayes y selección de modelos con MrModelTest ● Sesión práctica con datos de los alumnos 	P. Vinuesa
Receso 16:30-16:50		
16:50-19:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Sesión práctica con datos de los alumnos 	P. Vinuesa
Sábado 27 de Junio		
10-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Gene trees vs. Species trees – theoretical background 	Scott V. Edwards
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● BEST – software demonstration and case studies 	Scott V. Edwards
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Species divergence and the measurement of microbial diversity 	Lozupone Catherine A.
Receso 16:30-16:50		
16:50-19:00	<ul style="list-style-type: none"> ● UniFrac – software demonstration and case studies 	Lozupone Catherine A.
Domingo 28 de Junio	DIA LIBRE – Excursión a Xochicalco (optativa)	
Lunes 29 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Evolución Molecular ● Relojes Moleculares y fechación de clados con datos 	Susana Magallón

	moleculares. Teoría.	
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Programa r8s para fechación, usando métodos de Langley-Fitch, Non-parametric Rate Smoothing y Penalized Likelihood 	Susana Magallón
Comida: 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Programa BEAST para estimación simultánea de relaciones filogenéticas, tasas de sustitución y tiempos de divergencia. 	Susana Magallón
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Práctica con datos de estudiantes 	Susana Magallón
Martes 30 de Junio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Evolución Molecular ● “Selección a nivel molecular: un acercamiento al proceso evolutivo a nivel molecular” 	Amanda Castillo
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● El estudio de la adaptación a nivel molecular (Teoría) ● Desarrollo de modelo de codones ● Metodologías de estudio 	Amanda Castillo
Comida 13:30-15:00		
15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Evolución Molecular ● Casos de estudio ● Aplicaciones y perspectivas ● Práctica (PAML, HYPHY) 	Amanda Castillo
Receso 16:30-16:50		
16:50-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Evolución Molecular ● Práctica (PAML, HyPhy) 	Amanda Castillo
Miércoles 1 de Julio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Introducción a la Genética de Poblaciones ● Hardy-Weinberg y estimación de las frecuencias alélicas y la variación genética Teoría. 	Luis Eguiarte
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Selección Natural ● Deriva Génica y el tamaño efectivo de las poblaciones ● Flujo génico y estructura de las poblaciones 	Luis Eguiarte
Comida 13:30-15:00		
15:00-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Programa TFGA para análisis básicos ● Programa dnaSP para datos de secuencia ● Structure 	Jaime Gasca y/o Enrique Scheinvar
Jueves 2 de Julio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Endogamia ● Mutación ● Varios Genes ● Genética de poblaciones molecular 	Luis Eguiarte
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Endogamia ● Mutación ● Varios Genes ● Genética de poblaciones molecular 	Luis Eguiarte
Comida 13:30-15:00		

15:00-16:30	<ul style="list-style-type: none"> ● Coalescencia ● Filogeografía ● Genética de la conservación 	Daniel Piñero
16:5000-18:00	<ul style="list-style-type: none"> ● Coalescencia ● Filogeografía ● Genética de la conservación 	Daniel Piñero
Viernes 3 de Julio		
10:00-11:30	<ul style="list-style-type: none"> ● GenAlex ● Lamarc ● Coalface ● Programas de análisis de clados anidado: TCS 	Jaime Gasca y/o Enrique Scheinvar
Receso 11:30-11:50		
11:50-13:30	<ul style="list-style-type: none"> ● GenAlex ● Lamarc ● Coalface ● Programas de análisis de clados anidado: TCS 	Jaime Gasca y/o Enrique Scheinvar
Despedida (o si quieren ocupar la tarde ...)		

Contacto de profesores de la UNAM:

Dra. Susana Magallón Puebla	s.magallon@ibunam.ibiologia.unam.mx	Instituto de Biología
Dr. Arturo Becerra Bracho	abb@hp.fcencias.unam.mx	Facultad de Ciencias
Dr. David Gernandt	dgermandt@ibiologia.unam.mx	Instituto de Biología
Dr. Daniel Piñero Dalmau	pinero@ecologia.unam.mx	Instituto de Ecología
Dr. Luis Eguiarte Fruns	fruns@servidor.unam.mx	Instituto de Ecología
Dr. Pablo Vinuesa (coordinador)	vinuesa@ccg.unam.mx	Centro de Ciencias Genómicas

Contacto de profesores invitados:

Dr. Scott. V. Edwards	sedwards@fas.harvard.edu	Harvard University,
Catherine Lozapone	Catherine.Lozapone@colorado.edu	University of Colorado, Boulder