

# INTRODUCCIÓN AL ESTUDIO DE LA MACROEVOLUCIÓN A TRAVÉS DE LA FILOGENIA

## Instructor del curso

Dr. Marcial Escudero ([amesclir@gmail.com](mailto:amesclir@gmail.com))  
Departamento de Biología Vegetal y Ecología  
Facultad de Biología, Universidad de Sevilla

## Resumen del curso

En los últimos años se ha producido y hemos disfrutado una revolución en la disciplina de la filogenética. Cada vez existe mejor comprensión de las relaciones de parentesco de los diferentes linajes que conforman la biodiversidad de nuestro planeta. Considerar la información de parentesco filogenético en los estudios que tratan sobre los mecanismos que generan y mantienen dicha biodiversidad resulta crucial. Cuantificar y conservar todos los componentes de la biodiversidad del árbol de la vida es una tarea esencial y cobra mayor importancia en el escenario actual de cambio global, donde las tasas de extinción se están acelerando y cada vez más linajes están amenazados.

Este curso introducirá a los participantes en el conocimiento de los modelos filogenéticos comparativos (se hará menos hincapié en la generación de filogenias). Los estudiantes aprenderán a extraer de las filogenias información para responder preguntas cruciales en biología. Se pondrá énfasis en emplear la información de parentesco para reconstruir rasgos (continuos y discretos) y calcular la señal filogenética, así como también la inferencia de patrones biogeográficos. También se centrará en la evolución conjunta o dependiente de rasgos continuos y discretos, y en tasas de diversificación (incluyendo la modelización conjunta de rasgos y tasas de diversificación).

Además, como el curso está orientado a botánicos, se incluirán dos aspectos de sumo interés que suelen estar poco representados en otros cursos de similares características. En primer lugar, se tratarán aspectos sobre filogenia de comunidades y filofloras y también el cálculo de la diversidad filogenética de las mismas. En segundo lugar, se tratarán aspectos sobre evolución cromosomática y su relación con otros rasgos y tasas de diversificación.

Se alienta a los participantes a llevar sus propios conjuntos de datos para emplearlos en las sesiones prácticas.

Software necesario: R y Rstudio (ape, phytools, Geiger, BioGeoBEARS, Bayou, caper, diversitree, BAMMtools, revtools, OUwie), BAMM, ChromEvol, RevBayes.

## Preinscripción

<https://docs.google.com/forms/d/1YmAbgrS370MHP6UboBSy3481WOFsmiaqaU5Gopbm40A/edit>

## **Programa del curso**

### Día 1

- A. Introducción a la filogenia y los modelos filogenéticos comparativos.
- B. Modelización de rasgos cuantitativos continuos.
  - Modelo browniano y señal filogenética ( $\lambda$ ).
  - Modelización de óptimos/selección (Modelo Ornstein Uhlenbeck).
  - Correlación de rasgos cuantitativos continuos. Mínimos cuadrados generalizados filogenéticos (Phylogenetic Generalized Least Squares, GLS).

### Día 2

- A. Modelización y reconstrucción de caracteres discretos.
  - Modelo de Markov.
  - Correlación entre rasgos discretos binarios. Modelo de Pagel.
  - Modelos complejos: heterogeneidad en las tasas evolutivas (modelo HIDDEN).
- B. Tasas de diversificación.
  - Estimación de tasas de diversificación (especiación y extinción).
  - Estimación conjunta de tasas de diversificación y rasgos discretos (modelo BiSSE y derivados).

### Día 3

- A. Biogeografía.
  - Modelos DEC, DIVA y similares.
  - Modelos complejos (conectividad entre áreas en función del tiempo, incertidumbre filogenética, mapeo estocástico, otros parámetros, etc.)
- B. Filogenética de comunidades y filofloras.
  - Generación de filogenias a partir de listas de especies y filogenias ya existentes (phylomaker).
  - Cálculo de la diversidad filogenética de comunidades y floras.

### Día 4

- A. Evolución cromosomática.
  - Modelización de evolución cromosomática.
  - Modelización conjunta de la evolución cromosomática y otros caracteres binarios.
  - Modelización conjunta de la evolución cromosomática y el proceso de diversificación.
- B. Visualización de filogenias. Diseño de figuras.

### Día 5

Exposición de casos prácticos por parte de los alumnos.

### **Requisitos**

Alumnos de grado, máster o posgrado en Biología, Ciencias Ambientales y similares.

Los participantes deberán disponer de un ordenador personal (Windows, Mac, Linux) con el software requerido instalado y con cierta habilidad en el uso de R y Rstudio.

Se requiere una buena conexión a Internet. Se recomienda encarecidamente el uso de cámara web y auriculares.

### **Fechas y horarios**

5 al 15 de febrero de 2024.

Sesiones *online* en directo los días 5, 6, 8, 12 y 15 de febrero, de 13:00 a 17:00 horas (horario CET).

Horas totales del curso: 40 (20 horas de lecciones en vivo en línea, más 20 horas de trabajo previo y posterior a las clases y tutorías).

### **Evaluación**

El curso es presencial y será necesario asistir a la mayoría de las sesiones. Se requerirá asimismo la presentación de un caso práctico por cada estudiante.

### **Información adicional**

El curso se imparte en castellano, en vivo y en línea.

Este curso combinará sesiones en vivo (uso de Google Classroom y Google Meet) y tareas en casa de preparación de la clase o ejercicios posteriores.

La inscripción mínima será de 15 alumnos y la máxima de 20.

SEBOT expedirá un certificado de aprovechamiento final a los alumnos que superen el curso.

### **Precios y descuentos**

Tarifa estándar de 270 €

Tarifa estudiante 200 €

Tarifa estándar socio de SEBOT 200 €

Tarifa estudiante socio de SEBOT 150 €