

**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO  
PROGRAMA DE POSGRADO  
MAESTRÍA EN DOCENCIA PARA LA EDUCACIÓN MEDIA SUPERIOR**

Denominación de la actividad académica: **Optativa Disciplinar. Avances y desarrollos en el tema Sistemática**

<b>Clave:</b>	<b>Semestre:</b> <i>Tercero</i>	<b>Campo de conocimiento:</b> <i>Biología</i>	<b>Número de Créditos:</b> <i>6 créditos</i>
---------------	------------------------------------	--	---

<b>Carácter</b> <i>Optativo</i>	<b>Horas</b>		<b>Horas por semana</b>	<b>Horas por semestre</b>
	<b>Teóricas</b> <b>3</b>	<b>Prácticas</b> <b>0</b>	3	48

<b>Modalidad</b> <i>Curso</i>	<b>Duración del curso</b> <i>Semestral</i>
----------------------------------	---

**Seriación indicativa u obligatoria antecedente, si es el caso:** Ninguna

**Seriación indicativa u obligatoria subsecuente, si es el caso:** Ninguna

**Objetivo general:** Actualizar y capacitar a los alumnos en los fundamentos teóricos de la sistemática filogenética.

**Objetivos específicos:**

Temario	Horas	
	Teóricas	Prácticas
<b>Unidad 1</b> <i>Introducción.</i> <i>Sistemática, conceptos generales.</i> <i>Historia de la clasificación biológica</i> <i>Filosofía de la reconstrucción filogenético: evolucionismo, feneticismo y cladismo</i>	4	0
<b>Unidad 2</b> <i>Conceptos de especie y modelos de especiación</i> <i>Nominalismo vs. realismo</i> <i>Concepto de especie</i> <i>Anagénesis y cladogénesis</i> <i>Modelos de especiación: alopátrida, simpátrida, parapátrida, peripátrida.</i>	4	0
<b>Unidad 3</b> <i>Taxones supraespecíficos</i> <i>Conceptos</i> <i>Grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos</i>	4	0
<b>Unidad 4</b> <i>Homología</i> <i>Definición</i> <i>Establecimiento de hipótesis de homología primaria (conjunción, similitud y congruencia)</i> <i>Homología secundaria</i> <i>Tipos de homología: apomorfías, plesiomorfías.</i> <i>Homoplasia</i>	4	0
<b>Unidad 5</b> <b>Caracteres</b> Caracteres, estados de carácter, series de transformación y polaridad. Tipos de caracteres. Caracteres moleculares. Alineamiento de secuencias Ventajas y desventajas de los diferentes tipos de caracteres	4	0

<b>Unidad 6.</b> Unidades terminales y taxones Muestreo de terminales (individuos, poblaciones, genes, etc.) Grupo interno y externo Análisis de datos Datos faltantes	4	0
<b>Unidad 7.</b> Parsimonia Conceptos generales Optimización de caracteres Estadísticas de los árboles Tipos de búsquedas Búsquedas heurísticas (NNI, SPR, TBR, matraca y nueva tecnología) Medidas de apoyo de las ramas Árboles de consenso y compromiso Ventajas y desventajas del método de parsimonia	4	0
<b>Unidad 8.</b> Métodos de distancia Conceptos generales Métodos de distancia	4	0
<b>Unidad 9.</b> Métodos probabilísticas basados en modelos Conceptos generales. Uso de modelos de evolución Criterios de optimización: máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. Ventajas y desventajas de los métodos probabilísticos	6	0
Unidad 10. Aplicaciones de las hipótesis filogenéticas Fechamiento de clados, reconstrucción de caracteres ancestrales Clasificaciones taxonómicas y nomenclatura. Adaptación y coevolución	10	0

Biogeografía. Diversidad y conservación		
<b>Total de horas teóricas</b>	<b>48</b>	
<b>Total de horas prácticas</b>	<b>0</b>	
<b>Suma total de horas</b>	<b>48</b>	
<p><b>Bibliografía básica</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Anderson D.R., 2008. Model Based Inference in the Life Sciences: A Primer on Evidence. Springer, Basel.</li> <li>- Bovens L. y S. Hartmann. 2004. Bayesian Epistemology. , Oxford University Press, Oxford.</li> <li>- Brown, J.H. y M.V. Lomolino. 1998. Biogeography. , Sinauer, Sunderland, Massachusetts,</li> <li>- Felsenstein, J. 2004. Inferring phylogenies, Sinauer Associates, Inc., , Sunderland.</li> <li>- Hall, B. G. 2008. Phylogenetic trees made easy. A how-to manual, 3era ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland.</li> <li>- Wiley, E.O. 1981. <i>Phylogenetics. The theory and practice of phylogenetic systematics.</i> John Wiley and Sons. New York 439p.</li> <li>- Wiley, E.O., D. Siegel-Causey, D.R. Brooks, and V. Funk. 1990. <i>The Compleat Cladist: a primer of Phylogenetic Procedures.</i> The Univ. of Kansas Museum of Natural History Spec. Publ. 19. 158 p.</li> </ul>		
<p><b>Bibliografía complementaria</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Morrone, J. J., 2001. El lenguaje de la cladística. Dirección General de Publicaciones y Fomento Editorial, UNAM, México.</li> <li>- Wiens, J. J. 2000. Phylogenetic Analysis of Morphological Data. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.</li> <li>- Salemi, M. y A.-M. Vandamme (eds.). 2003. The phylogenetic handbook. Cambridge University Press, New York.</li> <li>- Nei, M. y S. Kumar. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford Universit.</li> </ul>		
<p><b>Sugerencias didácticas:</b></p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición oral</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición audiovisual</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Ejercicios dentro de clase</p> <p><input type="checkbox"/> Ejercicios fuera del aula</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Seminarios</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Lecturas obligatorias</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Trabajos de investigación</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Prácticas de taller o laboratorio</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Prácticas de campo</p> <p><input type="checkbox"/> Otros</p>	<p><b>Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:</b></p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exámenes parciales</p> <p><input type="checkbox"/> Examen final escrito</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Tareas y trabajos fuera del aula</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Exposición de seminarios por los alumnos</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Participación en clase</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Asistencia</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Seminario</p> <p><input type="checkbox"/> Otros</p>	
<p><b>Línea de investigación:</b></p>		
<p><b>Perfil profesiográfico</b> <i>Profesor con grado de maestría o doctorado con amplios conocimientos en reconstrucción filogenética.</i></p>		