

Curso PEDECIBA: Análisis comparativo de datos y filogenias en R

Docentes

Dr. Andrés Parada, Facultad de Ciencias (UdelaR)

Dr. Arley Camargo, Centro Universitario Regional Noreste, Sede Rivera (UdelaR)

Dr. Andrés Canavero, Centro Universitario Regional Este, Sede Maldonado (UdelaR)

Dra. Sabrina Clavijo, Facultad de Ciencias (Udelar)

Descripción

Aunque el análisis comparativo filogenético es relativamente reciente, en la última década estos métodos comparativos filogenéticos (o PCM por sus siglas en inglés) se han multiplicado, ampliado su alcance y han ganado más relevancia. Estas estrategias se han empleado para entender la evolución de caracteres a lo largo de una filogenia, ajustar modelos a filogenias y datos comparativos para tratar de entender la diversidad actual en diversas escalas o para estudiar incluso la pandemia de SARS-CoV-2.

El curso tiene como objetivo introducir o ampliar el conocimiento de las herramientas de R disponibles para datos filogenéticos. Para esto, primero veremos las bases teóricas que tienen estos métodos y luego les brindaremos las herramientas analíticas disponibles en diversos paquetes de R. También haremos énfasis en cómo curar las bases de datos disponibles y de dónde extraer información para este tipo de análisis.

Esperamos que un público amplio de estudiantes de biología encuentren útil este curso. A modo de ejemplo, con estos métodos es posible realizar comparaciones de distintos tipos de rasgos (e.g. morfológicos, comportamentales, fisiológicos, ecológicos, etc) entre especies tomando en cuenta su parentesco filogenético. También es posible determinar el efecto filogenético en los rasgos que se observan en el presente, estimar de caracteres ancestrales y cuantificar el grado de evolución correlacionada de dos rasgos diferentes. El curso también funciona como una oportunidad para profundizar en algunos tópicos ya vistos en otros cursos y puede asistir a contar con algunas herramientas para enfocarse en entender mejor patrones en macroecología y macroevolución. Se sugiere que los estudiantes cuenten con experiencia previa en R ya sea por

cursos de pregrado o posgrado ya cursados. También es aconsejable que hayan cursado cursos de métodos para Sistemática o Filogenias.

Programa

Clase 1. Introducción a PCM (I) ¿Qué tipo de datos necesitamos para estos análisis?

Ejemplos de trabajos donde usan PCM

Clase 2. Introducción a R, un breve repaso a qué tipo de datos se manejan (tablas, vectores, árboles, etc). Práctico.

Clase 3. Práctico que sirve de introducción a R con ejemplos simples. ¿Cómo recopilar datos y "juntarlos" con árboles? Práctico con visualización de árboles y manejo de tablas y árbol

Clase 4. Introducción a PCM con ejemplos (II). Discusión Trabajo Final.

Clase 5. Método de Contrastes Filogeneticos Independientes. Teórico

Clase 6. Método de Contrastes Filogeneticos Independientes. Práctico.

Clase 7. PGLS e introducción a modelos de evolución de caracteres. Teórico

Clase 8. PGLS e introducción a modelos de evolución de caracteres. Práctico.

Clase 9. Movimiento Browniano y Evol de caracteres. Teórico

Clase 10. Movimiento Browniano y Evol de caracteres. Práctico

Clase 11. Reconstrucción Caracteres Ancestrales. Teórico

Clase 12. Reconstrucción Caracteres Ancestrales. Práctico.

Clase 13. Macroevolución: tasas de especiación, patrones de diversificación. Teórico

Clase 14. Macroevolución: tasas de especiación, patrones de diversificación. Práctico.

Clase 15. Discusión de papers.

Clase 16. Ecología de comunidades. Teórico

Clase 17. Ecología de comunidades Práctico

Clase 18. Preparación de trabajos finales.

Clase 19. Presentación de Trabajo final.

Aprobación

Se requerirá la asistencia al 75% de las clases y la presentación oral (al final del curso) de análisis realizados con datos propios, públicos ya publicados o simulados.

En 100 palabras

El árbol de la vida es una rica fuente de información que no solo nos informa del parentesco entre especies sino también puede ser aprovechado para ver otros patrones (ej. ver el modo evolución de caracteres, patrones de diversificación, etc). En la última década estos métodos comparativos filogenéticos se han multiplicado, ampliado su alcance y han ganado más relevancia. El curso tiene como objetivo introducir o ampliar el conocimiento de las herramientas de R disponibles para datos filogenéticos. Para esto, veremos las bases teóricas que tienen estos métodos y luego brindaremos las herramientas analíticas disponibles en diversos paquetes de R.