

Temario

Tipo de Actividad:

Curso de capacitación.

Responsable de la Actividad:

Dr. Alejandro Valdez Mondragón.

Nombre de la Actividad:

Curso de Filogenómica moderna basada en Elementos Ultraconservados (UCEs).

Modalidad:

Híbrido (presencial y virtual)

Total de Horas:

22

Fecha:

Del 8 al 11 de junio de 2026.

Nivel:

Posgrado.

Idioma:

Español

Descripción de la Actividad:

Curso presencial donde se instruirá sobre el uso de Elementos Ultra Conservados (UCEs) para estudios evolutivos.

Visión:

Consolidarse como un curso de referencia en la formación avanzada en filogenómica, reconocido por su enfoque integral en el uso de Elementos Ultraconservados (UCEs) para el estudio de la diversidad biológica. El curso aspira a formar estudiantes y profesionales capaces de aplicar metodologías filogenómicas de vanguardia, interpretar críticamente grandes volúmenes de datos genómicos y contribuir al avance del conocimiento en sistemática, evolución y biogeografía, fortaleciendo la investigación científica y la colaboración académica a nivel nacional e internacional.

Misión:

Formar a los participantes en los fundamentos teóricos y prácticos de la filogenómica moderna mediante el uso de Elementos Ultraconservados (UCEs), proporcionándoles las herramientas conceptuales, metodológicas y analíticas necesarias para diseñar, ejecutar e interpretar estudios filogenéticos robustos. El curso busca capacitar a los estudiantes para integrar datos genómicos a gran escala con enfoques evolutivos, biogeográficos y sistemáticos, promoviendo

Temario

el pensamiento crítico, el uso responsable de datos moleculares y la aplicación de la filogenómica en la resolución de preguntas biológicas complejas.

Objetivo:

Proporcionar a los participantes los fundamentos teóricos y prácticos para el uso de Elementos Ultra Conservados (UCEs) en estudios evolutivos, incluyendo su obtención, análisis bioinformático e interpretación filogenética y filogeográfica.

Lugar/Sede:

Híbrido: en Línea y presencial en el CIBNOR, sede La Paz, Baja California Sur, México.

¿A quién va dirigido?:

Estudiantes de Ciencias Biológicas nivel Posgrado e Investigadores.

Pre-requisitos:

- Conocimientos básicos de sistemática filogenética.
- Laptop (Mac o PC con Linux) – Windows Subsystem for Linux.

Horario:

8:30 a 14:30 hrs.

Coordinación general de la Actividad:

Dr. Alejandro Valdez Mondragón, CIBNOR.

Instructores participantes:

Dr. Rodrigo Monjaraz Ruedas, Museo de Historia Natural de Los Ángeles.

Temario:

Lunes 8 de junio

Expositor: Dr. Rodrigo Monjaraz Ruedas (5 hrs).

Temas: Introducción a Secuenciación de Nueva Generación.

Manejo de datos y planeación de proyectos.

Introducción a la Bioinformática.

Martes 9 de junio

Expositor: Dr. Rodrigo Monjaraz Ruedas. (5 hrs).

Temas: Procesamiento de datos genómicos 1.

Temario

Procesamiento de datos genómicos 2.

Miércoles 10 de abril

Expositores: Dr. Rodrigo Monjaraz Ruedas. (6 hrs).

Temas: Procesamiento de datos genómicos 2.

Filogenómica 1.

Jueves 11 de junio

Expositores: Dr. Rodrigo Monjaraz Ruedas. (6 hrs.).

Temas: Filogenómica 1.

Filogenómica 2.

Evaluación/Aprobación.

Asistencia (50%), Participación (30%), cuestionarios al final de cada sesión (20%). Al final de cada sesión, los participantes deberán responder una serie de cuestionamientos relacionados con los temas que se impartieron en ese día. A los participantes se les brindará literatura especializada, la cuales estará disponible en una carpeta de Drive.

Bibliografía básica

- Bejerano et al. (2004). Ultraconserved elements in the human genome. *Science*, 304: 1321–1325.
- Faircloth et al. (2012). Ultraconserved elements anchor thousands of genetic markers spanning multiple evolutionary timescales. *Systematic Biology*, 61: 717–726.
- Faircloth et al. (2014). PHYLUC: a software package for the analysis of conserved genomic loci. *Bioinformatics*, 30: 786–788.
- McCormack et al. (2012). Ultraconserved elements are novel phylogenomic markers that resolve placental mammal phylogeny. *PLoS ONE*, 7: e37131.
- Siepel et al. (2005). Evolutionarily conserved elements in vertebrate, insect, worm, and yeast genomes. *Genome Research*, 15: 1034–1050.

Bibliografía complementaria

- Branstetter et al. (2017). Enabling phylogenomic data collection from historical specimens. *Molecular Ecology Resources*, 17: 110–122.
- Derkarabetian et al. (2019). Integrative species delimitation using UCEs in cave arthropods. *Molecular Ecology*.

Temario

- Harvey et al. (2016). Sequence capture versus restriction site associated DNA sequencing for shallow systematics. *Systematic Biology*, 65: 910–924.
- Kulkarni et al. (2020). UCE phylogenomics supports rapid radiations in spiders. *Molecular Phylogenetics and Evolution*.
- Leaché et al. (2014). The influence of gene flow on species tree estimation: a simulation study. *Systematic Biology*, 63: 17–30.
- Lemmon et al. (2012). Anchored hybrid enrichment for massively high-throughput phylogenomics. *Systematic Biology*, 61: 727–744.
- Manthey et al. (2016). Comparison of target-capture and RADseq for phylogeography. *Molecular Ecology*, 25: 4957–4972.
- McGee et al. (2016). Harnessing ultraconserved elements to study phylogenetic relationships. *Methods in Ecology and Evolution*, 7: 1–12.
- Smith et al. (2014). Target capture and massively parallel sequencing of ultraconserved elements for comparative studies. *BioTechniques*, 56: 216–226.
- Van Dam et al. (2017). UCE phylogenomics supports rapid radiation of spiders. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 107: 56–65.