

Learning about phylogenetics

using collections and public databases

Enrique P. Lessa

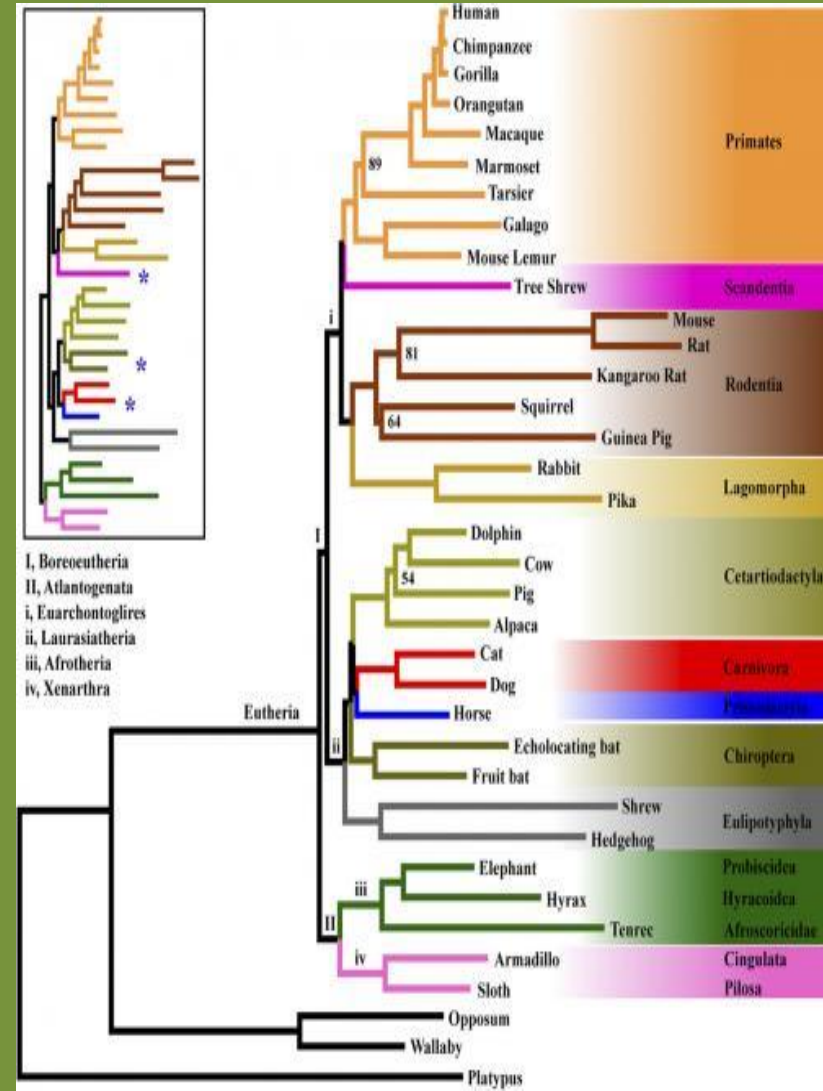
Departamento de Ecología y Evolución

Facultad de Ciencias

Universidad de la República

Montevideo, Uruguay

<http://evolucion.fcien.edu.uy/>

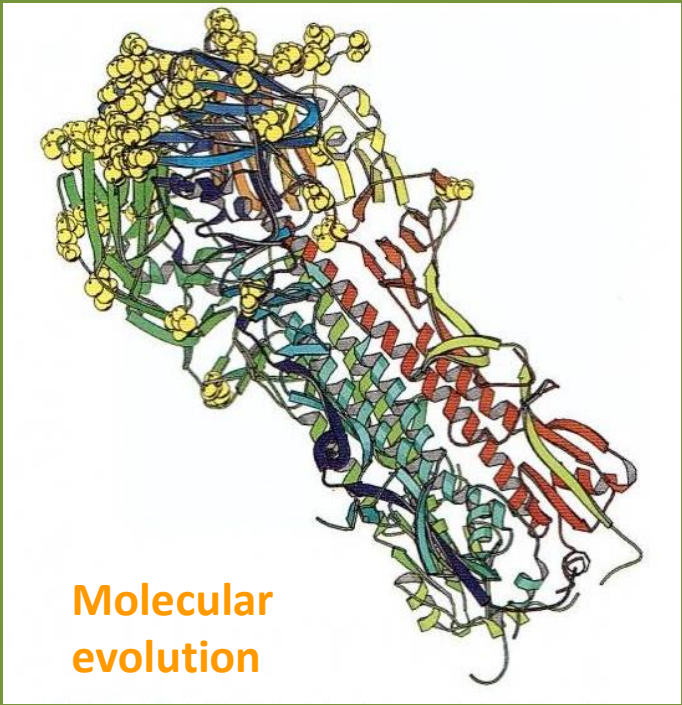
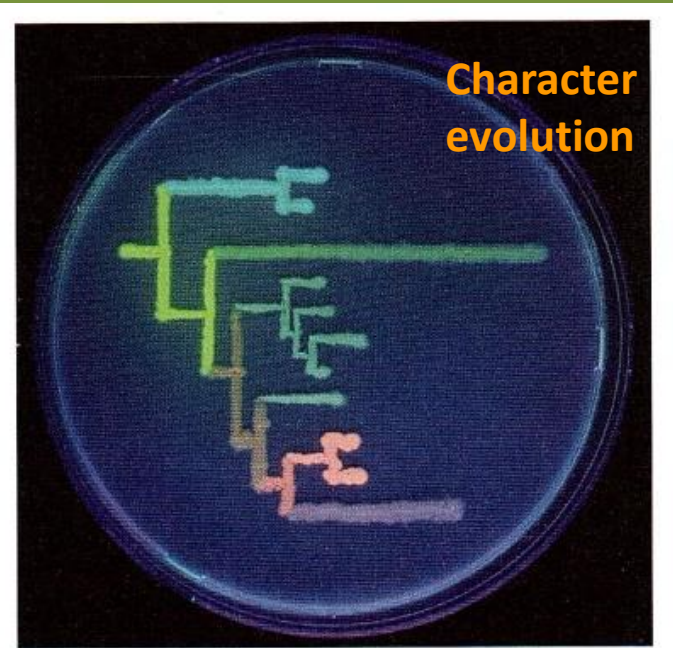
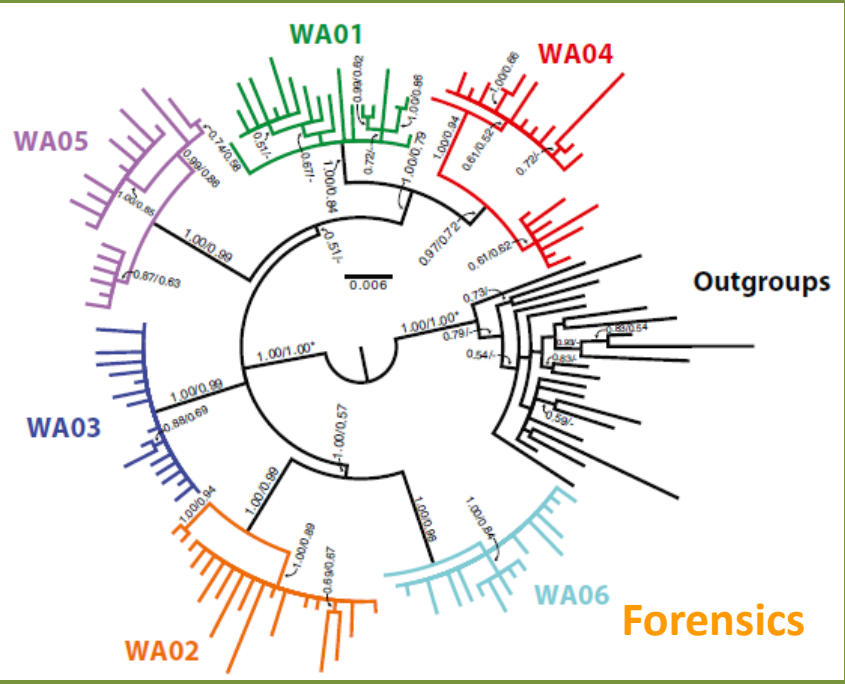
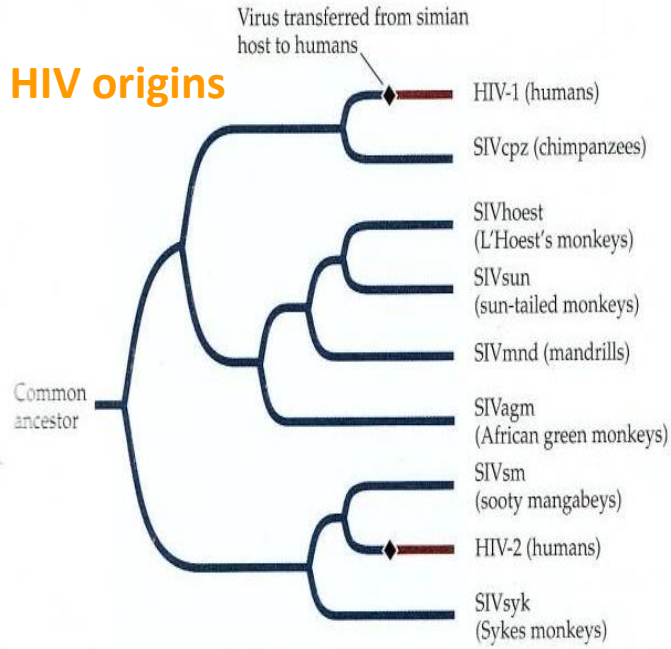


“Tree-thinking”

- The diversity of organisms
- Evolution of genes, gene families, repetitive elements, genomes
- Character mapping and ancestral reconstruction
- Biogeography
- Pathogens, emergent diseases, cancer...

Hillis, D. M. 2010. Phylogenetic progress and applications of the tree of life. In *Evolution Since Darwin: The First 150 Years* (M. A. Bell, W. F. Eanes, and D. J. Futuyma, eds.), Sinauer Associates, Sunderland, MA.

HIV origins



This presentation

- A project-based approach for undergraduates to learn about phylogenetics
- Context:
 - Upper-division course on evolution
 - Project to be developed during the semester, in parallel with lectures and labs.
 - Groups of 2-3 students work on project and produce a term paper.

Course structure

Weeks	Lectures	Labs
1-2	Introduction Phylogenetics	Phylogenetics Presentation of final project
3-10	Microevolution & molecular evolution	Genetic drift Natural & sexual selection Population structure Molecular evolution Multigene families Comparative genomics
11-12	Species & speciation	Species & speciation
13-14	Macroevolution	Biogeography Adaptation
15	Human evolution	Project report due

Tema 1

Modulo con clases, audio y material de apoyo para los teóricos



Introducción, historia y fundamentos

1. Historia de las ideas evolucionistas. Lamarck. Darwin. Mutacionismo. Seleccionismo. Teoría sintética. Tendencias actuales en evolución.
2. Las filogenias como contexto de análisis de la evolución. Métodos de inferencia filogenética. Análisis filogenético según el principio de parsimonia.

1.Historia2013

1.Historia20134d

Video de la clase Tema 1a (2009)

Video de la clase Tema 1b (2009)

2a.Filogenias2013

2a.Filogenias20134d

2b.Filogenias2013

2b.Filogenias20134d

2c.Filogenias2013

2c.Filogenias20134d

Video de la clase Tema 2 (2009)

AUDIO de las clases

Material apoyo teórico

Lecture slides

Lecture videos

Lecture audios

Supportive materials
(notes, papers)

Selecting topics

- We have opted for presenting students with 2-3 well-defined problems that:
 - Represent biological issues that can be addressed phylogenetically.
 - Involve appealing cases of biodiversity and/or biogeographical history
 - Have been the subject of historical (or ongoing) controversy, or views have shifted as a result of phylogenetic studies.
 - Can be addressed with existing DNA sequence data.

Examples

Opción 1:

Intercambio faunístico entre Norte y Sudamérica

Sudamérica estuvo aislada de otros continentes durante la mayor parte del Cenozoico. Dicho aislamiento se rompió al formarse el Istmo de Panamá hace unos 3,5 millones de años. Dicho evento permitió migraciones entre Sudamérica y el continente norteamericano (incluyendo la mayor parte de Centroamérica, al norte del Istmo de Panamá), bien documentados en mamíferos. El intercambio fue asimétrico, y resultó principalmente en un influxo de linajes desde el continente norteamericano hacia Sudamérica. Numerosos grupos de mamíferos sudamericanos autóctonos actuales tienen su origen en dicho intercambio. En particular, se han identificado familias enteras de mamíferos que tienen orígenes documentados fuera del continente sudamericano, pero que en la actualidad están presentes y comprenden varias especies en el Sudamérica. El presente problema consiste en investigar, utilizando secuencias nucleotídicas disponibles en Genbank, dos escenarios alternativos que, en principio, pueden dar cuenta de la diversidad actual de varias de estas familias en Sudamérica:

1. El intercambio involucró varios linajes dentro de cada familia, por lo que la diversidad actual Sudamericana se produjo a partir de más de una especie ancestral;
2. La diversidad actual de cada familia representada en Sudamérica es el producto de la diversificación de un único linaje ancestral por familia.

Problema: Mediante el empleo de secuencias de ADN extraídas del GenBank, se propone considerar el problema para el caso de la familia Felidae.

CLASIFICACIÓN SISTEMÁTICA DE LA FAMILIA FELIDAE

- ORDEN: CARNIVORA
- SUBORDEN: FELIFORMIA
- FAMILIA: FELIDAE
 - SUBFAMILIA: FELINAE
 - GÉNERO
 - Acinonyx (Guepardo)
 - Caracal (Caracal)
 - Catopuma (e.g. Gato dorado de Asia)
 - Felis (e.g. Gato doméstico)



Puma
(*Puma concolor*)



Ocelote
(*Leopardus pardalis*)



Examples

Opción 2:

Evaluación de la monofilia de Pinnipedia y de las relaciones filogenéticas con el resto de Carnivora

Los pinnípedos, grupo formado por las focas (Phocidae), los lobos marinos (Otaridae) y las morsas (Odobenidae), fueron considerados originalmente como un grupo monofilético, clasificado como un suborden (Pinnipedia) hermano de los carnívoros terrestres (Fissipedia), dentro del Orden Carnivora. Este concepto fue cambiando gradualmente con el transcurso del tiempo, dado que la visión morfológica colocaba a las focas (Phocidae) más cercanamente emparentadas a los mustélidos (Mustelidae) y a los lobos marinos (Otaridae) con los osos (Ursidae). A fines de la década de los 60', V. M. Sarich, basado en distancias inmunológicas, restablece a los pinnípedos como un grupo monofilético. Análisis moleculares posteriores apoyan esta última visión sobre las relaciones filogenéticas del grupo. Sin embargo, aún hoy es objeto de debate cuál familia dentro del orden Carnivora constituye el grupo hermano de los pinnípedos, centrándose principalmente este dilema entre los osos y los mustélidos.



Problema: Dado estos antecedentes, el objetivo principal de este trabajo es poner a prueba la hipótesis de que los pinnípedos constituyen un grupo monofilético, y evaluar cual es el grupo hermano de este taxa dentro del orden Carnivora mediante el empleo de secuencias de ADN extraídas del GenBank.

Developing the project

- Students (in teams of 2-3) need to:
 - Collaborate throughout the project
 - Clearly lay out hypotheses
 - Present phylogenetic predictions
 - Design a sampling (taxonomic, genic) that would be appropriate for testing.
 - Go through all steps in phylogenetics.
 - Interpret and discuss results.

Support

- Lab exercises on phylogenetics
- Guidance of TA, instructor
- **Extensive** documentation, demos, videos, to guide the entire process, covering conceptual and practical issues, but also including excerpts from the literature, illustrations of the organisms, a current classification...

Laboratorio de Evolución Facultad de Ciencias Universidad de la República Montevideo Uruguay


La Evolución Biológica en la Cultura Moderna

Inicio Sobre Darwin Teoría de la Evolución Talleres Darwin200 en Uruguay

Página Principal • Investigación • Proyecto de Popularización "La evolución biológica en la cultura moderna" • Talleres

Talleres

Durante el proyecto se realizó una serie de talleres teórico-prácticos donde se reconstruyeron árboles filogenéticos. Ponemos a disposición el material necesario para recrear la actividad desarrollada, dirigido especialmente a docentes, estudiantes de formación docente y maestros.



Objetivos de los talleres:
Comprender los conceptos básicos necesarios en la reconstrucción filogenética, comprender qué información aportan las filogenias y su utilidad, realizar reconstrucciones filogenéticas sencillas, aprender el manejo básico del software para reconstrucciones filogenéticas MEGA.

Introducción
Según la teoría darwinista, todos los seres vivos provienen de un ancestro común. Esto implica que los distintos **taxa** están relacionados y estas relaciones pueden inferirse siguiendo distintas pistas: el registro fósil por un lado, y los patrones de similitud y diferencia entre los taxa actuales. El patrón de relaciones desde un ancestro a sus ramificaciones, se llama filogenia y puede representarse como un árbol filogenético. [Descargar](#) la introducción al taller.

Las filogenias pueden reconstruirse manualmente o usando programas de computación cuando las bases de datos son muy grandes. El ejercicio 1 ([descargar pdf](#)) propone realizar una reconstrucción manual para comprender los procedimientos básicos. El ejercicio 2 ([descargar pdf](#)) propone trabajar con secuencias de ADN mitocondrial en el software MEGA, de descarga gratuita. Recomendamos descargar los videos tutoriales que guían en el manejo del programa. Las resoluciones comentadas de ambos ejercicios también están disponibles.


([descargar ejercicio 1 resuelto](#))
([descargar ejercicio 2 resuelto](#))

- >[Descargar](#) GLOSARIO con definiciones de los términos más técnicos.
- >[Descargar](#) VIDEO 8 TUTORIALE 8 para el uso del programa MEGA.
- >[Descargar](#) programs MEGA.
- >[Descargar](#) secuencias para usar con el programa MEGA.

Introducción a los talleres por Alejandro D'Onato

Video detallar de líneas

Galería de fotos de las actividades



Introducción a los talleres por Alejandro D'Onato

Inicio || Puntos

Written guide

Downloadable materials (exercises, databases, videos, MEGA software)

Online videos

Some observations

- Data selection and handling demands lots of efforts (and generates some frustration).
- Problems above the species level are more effective than topics involving intraspecific variation.

Using museum specimens

- Opportunities to develop projects that will further explore thinking about the diversity of organisms and phylogenetics.
- Character evolution: studying morphological diversity.

Zapus princeps idahoensis voucher **MSB:Mamm:72297** myosin heavy chain 7 cardiac muscle beta (MYH7) gene, exon 35 and partial cds

GenBank: KF493689.1

[FASTA](#) [Graphics](#) [PopSet](#)[Go to:](#)

LOCUS KF493689 267 bp DNA linear ROD 03-FEB-2014
DEFINITION Zapus princeps idahoensis voucher MSB:Mamm:72297 myosin heavy chain
7 cardiac muscle beta (MYH7) gene, exon 35 and partial cds.
ACCESSION KF493689
VERSION KF493689.1 GI:576864421
KEYWORDS .
SOURCE Zapus princeps idahoensis
ORGANISM Zapus princeps idahoensis
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
Sciurognathi; Dipodidae; Zapodinae; Zapus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 267)
AUTHORS Malaney,J.L., Conroy,C.J., Moffitt,L.A., Spoonhunter,H.D.,
Patton,J.L. and Cook,J.A.
TITLE Phylogeography of the Western Jumping Mouse (Zapus princeps)
detects deep and persistent allopatry with expansion
JOURNAL J. Mammal. 94 (5), 1016-1026 (2013)
REFERENCE 2 (bases 1 to 267)
AUTHORS Malaney,J.L., Conroy,C.J., Moffitt,L.A., Spoonhunter,H.D.,
Patton,J.L. and Cook,J.A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (02-AUG-2013) Department of Biology, Museum of
Southwestern Biology, 03 MSC 2020, University of New Mexico,
Albuquerque, NM 87131, USA
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Assembly Method :: Sanger dideoxy sequencing
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..267
/organism="Zapus princeps idahoensis"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="NK.50980"
/sub_species="idahoensis"
/specimen_voucher="MSB:Mamm:72297"
/db_xref="taxon:289489"
/collection_date="2010"
gene <1..>267
/gene="MYH7"

Concluding remarks

- Phylogenetics has become a central theme in all areas of biology
- Phylogenetics offers ample opportunities to develop open-ended, inquiry based student projects, ranging from short exercises and workshops to projects spanning a full semester.
- Museum specimens, cross-referenced to genetic and other databases, offer immense opportunities to link phylogenetics with natural history and cross-linked data relevant to diversity, ecology, and public health.