

Actividad formativa de rama (curso 2020-21)

Introducción al uso de filogenias como herramienta analítica en Ecología

Ramas de conocimiento: Curso teórico-práctico orientado a doctorandos de la rama de Ciencias. En caso de que la demanda sea superior a las plazas ofertadas, se priorizarán los estudiantes de los programas de doctorado del Departamento de Ciencias de la Vida.

Responsable: Rafael Molina Venegas, Área de Ecología, Departamento de Ciencias de la Vida de la UAH (<https://rafmolven.wixsite.com/rafmolven>; rafael.molina@uah.es)

Fechas: 28 y 29 de junio; 14 horas (2 días, 7h/día)

Horario: 10:00-14:00 y 15:30-18:30 (presencial)

Lugar: Edificio de Ciencias

Plazas: 3 (mínimo) – 15 (máximo)

Inscripciones: enviar la solicitud por correo electrónico a pedro.villar@uah.es, especificando el programa de doctorado en el que está matriculado, así como una breve presentación del interés por el curso.

Objetivos:

- Generales: aprender a manejar filogenias como herramienta de análisis en Ecología.
- Específicos: edición de filogenias en R y visualización en Dendroscope; ensamblaje de mega-filogenias y consideración de la incertidumbre filogenética; diversidad filogenética alfa; diversidad filogenética beta; señal filogenética.

Breve descripción de contenidos:

1. Edición de filogenias en R y visualización en Dendroscope:

Estructura de las filogenias en R (objeto *phylo*), formato Newick, representación gráfica y visualización en Dendroscope. Ensamblaje de filogenias (Phylomatic, V.PhyloMaker y randtip).

2. Diversidad filogenética alfa:

Índices de riqueza, divergencia y regularidad filogenética, aplicación al estudio de comunidades y ensamblajes (librería *Picante*), divergencia filogenética en el contexto del patrón de ramificación de las filogenias. “Originalidad” evolutiva.

3. Diversidad filogenética beta:

Componentes “turnover” y “nestedness” de la diversidad filogenética beta, datos de incidencia y abundancia (librería betapart), aplicación al estudio de ensamblajes.

4. Señal filogenética:

Introducción a los modelos de evolución, *Brownian motion* como modelo para explorar la señal filogenética en variables continuas (lambda de Pagel y K de Blomberg) y binarias (estadístico D).