

Aspectos generales

Título:	Teoría de evolución molecular: mutaciones neutrales y selección
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	Doctorado en Ciencias Biológicas Doctorado en Ciencias Bioquímicas
Área del conocimiento:	Ecología y biología evolutiva
Semestre:	2026-2
Modalidad:	Curso fundamental
Horario:	10 AM - 12 PM
No. sesiones:	29
Horas por sesión:	2.5
Total alumnos PDCB:	5
Total alumnos:	12
Videoconferencia:	Si
Lugar donde se imparte:	Vía invitación por ZOOM
Informes:	marcojose@biomedicas.unam.mx

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Examen final	20%	
Participación en clase	60%	
Presentación de un proyecto	20%	

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

El conocimiento y manejo de los principios básicos de la teoría de evolución es de inmensa utilidad para cualquier área de la biología y la biomedicina. El alumno aprenderá metodologías para distinguir selección positiva, selección negativa y neutralidad. Se enseñarán métodos bioinformáticos para dilucidar estructuras de RNA y proteínas. Los fenómenos de evolución no caducan. El curso ofrece las derivaciones matemáticas de la teoría neutral de evolución molecular. Estas derivaciones serán explicadas con gran detalle. El curso incluye la evolución del coronavirus y el uso de teoría de redes de proteína-proteína de varios tipos de cáncer.

Profesor (a) responsable

Nombre:	José Valenzuela Marco Antonio
Teléfono:	(55) 56 22 38 94
Email:	marcojose@biomedicas.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
--------------	-----------------------	----------

JOSÉ VALENZUELA MARCO ANTONIO Responsable	Instituto de Investigaciones Biomédicas	Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una Teorías de evolución. 12 sesiones de 2.5 horas cada una
JUAREZ FLORES ANGEL Integrante	Hospital Infantil de México	Interacciones proteína-proteína en cáncer. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Interacciones proteína-proteína en cáncer. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Interacciones proteína-proteína en cáncer. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Interacciones proteína-proteína en cáncer. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una.
JURADO CARRERA OMAR DAVID Integrante	Laboratorio de Niología Teórica, Instituto de Investigaciones Biomédicas	Condensados biomoleculares. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Condensados biomoleculares. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Condensados biomoleculares. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Condensados biomoleculares. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una.
LÓPEZ CORTÉS GEORGINA Integrante	University of Philadelphia, Estados Unidos	Evolución del SARS-CoV-2. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Evolución del SARS-CoV-2. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Evolución del SARS-CoV-2. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. : Evolución del SARS-CoV-2. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una.
PALACIOS PÉREZ MIRYAM Integrante	Instituto de Investigaciones Biomédicas	Proteoma antes del Último Ancestro Universal. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una Proteoma antes del Último Ancestro Universal. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una Proteoma antes del Último Ancestro Universal. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una Proteoma antes del Último Ancestro Universal. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una

Introducción

La idea básica de este curso es la de revisar los conceptos fundamentales de la Teoría de Evolución de Darwin y la Teoría Genética de la Selección Natural elaborada principalmente por Ronald Fisher, Sewall Wright y J.B.S. Haldane así como la Teoría Neutral de Evolución Molecular desarrollada por Motoo Kimura. La disponibilidad de genomas completos de varios organismos incluyendo el genoma humano nos brindan una oportunidad única e histórica de poder estudiar la evolución de las especies considerando que los genomas completos son libros que se escriben ellos mismos durante millones de años de evolución. Se enseñará cómo manejar redes de Proteína-Proteína en distintos tipos de cáncer. Se enseñará cómo usar Métodos Bioinformáticos para estudiar la evolución de proteínas y de RNA. Se presentará un modelo evolutivo del virus SARS-CoV-2-
Requisitos: Cálculo diferencial e integral; Álgebra Lineal; Ecuaciones Diferenciales Ordinarias. La matemática será explicada con detalle y se asumirá que el estudiante domina la biología no la matemática.

NOTA: A los alumnos que lo soliciten se les facilitará un material de apoyo correspondiente a estos temas.

Temario

I. Introducción (Marco A. José). Once sesiones de 2.5 horas cada una.

1. Dinámica no lineal
2. Evolución del código genético
- I. Introducción (Marco A. José). Once sesiones de 2.5 horas cada una.
1. Dinámica no lineal
2. Evolución del código genético

Conceptos básicos; Sobre la importancia de ser No lineal; Puntos fijos; Análisis lineal de estabilidad; Soluciones de ecuaciones diferenciales en la computadora (lineales, no lineales, sistema de ecuaciones diferenciales); Sistemas continuos y sistemas discretos.

3. Análisis de secuencias de nucleótidos. Genomas completos de bacterias
 4. Análisis de secuencias de aminoácidos
 5. Modelos estocásticos de la Teoría de Genética de Poblaciones
 6. La ecuación logística; Puntos fijos y telarañas;
 7. Matrices aleatorias y Método Monte Carlo para estudiar: Complejidad y Biodiversidad de Ecología evolutiva.
 8. Tamaño efectivo de la población. Concepto de tasa de mutación.
- Se proporcionarán y se utilizarán programas computacionales en Mathematica y Matlab.

APLICACIONES EN BIOLOGÍA

1. Dr. Angel Juárez Flores: Entropía multivariada para analizar expresión genética e interacciones proteína-proteína en distintos tipos de cáncer. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una
 2. Dra. Miryam Palacios-Pérez: Proteoma antes del Último Ancestro Universal. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una. Métodos Bioinformáticos para la modelación estructural de proteínas y RNA. Cuatro sesiones de 2.5 horas cada una.
 3. Dra. Georgina López-Cortés: Evolución del SARS-CoV-2: Dos sesiones de 2.5 horas cada una
 4. Dr. Omar David Jurado Carrera: Condensados biomoleculares: evolución y enfermedad. Dos sesiones de 2.5 horas cada una.
- Calendario:

Inicio del curso: Martes 27 de enero del 2026

Duración del curso: 4 meses (sin considerar Semana Santa).

Marco A. José V.

12 sesiones.

Miryam Palacios Pérez

Jueves 29 January – February Jueves 5, 12, 19, 26 (5 sesiones)

Omar David Jurado Carrera

March 5, 12, 19, 26 (4 sesiones)

Angel Juarez Flores

April 9, 16, 23, 30 (4 sesiones)

Georgina López Cortés (4 sesiones)

May 7, 14, 21, 28

Bibliografía

Referencias:

1. R. Liu et al. Identifying critical transitions and their leading biomolecular networks in complex diseases. *Sci Rep.*, 2 (2012) 813. doi:10.1038/srep00813.
2. Feigenbaum, M.J. (1983). Universal behavior in nonlinear systems. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 7, 16-39.
3. A. Juarez-Flores, M. V. José. Multivariate Entropy Characterizes the Gene Expression and Protein-Protein Networks in Four Types of Cancer. *Entropy*, 20 (2018) 154. doi:10.3390/e20030154.
4. Juarez-Flores, A. et al. (2021). Novel gene signatures for stage classification of the squamous cell carcinoma of the lung. *Scientific reports*, 11(1), 4835. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83668-1>
5. Palacios-Pérez M & José MV (2019); Palacios-Pérez M, José MV. The evolution of proteome: From the primeval to the very dawn of LUCA. *Biosystems*. 2019 Jul;181:1-10. doi: 10.1016/j.biosystems.2019.04.007.
6. Prosdociimi F, et al. (2020). The Ancient History of Peptidyl Transferase Center Formation as Told by Conservation and Information Analyses. *Life (Basel)* 5;10(8):134. doi: 10.3390/life10080134.
7. López-Cortés G.I., et al. Neutral evolution test of the spike protein of SARS-CoV-2 and its implications in the binding to ACE2. *Scientific Reports* 2021.PMID: 34552110

Referencias:

1. R. Liu et al. Identifying critical transitions and their leading biomolecular networks in complex diseases. *Sci Rep.*, 2 (2012) 813. doi:10.1038/srep00813.
2. Feigenbaum, M.J. (1983). Universal behavior in nonlinear systems. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 7, 16-39.
3. A. Juarez-Flores, M. V. José. Multivariate Entropy Characterizes the Gene Expression and Protein-Protein Networks in Four Types of Cancer. *Entropy*, 20 (2018) 154. doi:10.3390/e20030154.
4. Juarez-Flores, A. et al. (2021). Novel gene signatures for stage classification of the squamous cell carcinoma of the lung. *Scientific reports*, 11(1), 4835.

<https://doi.org/10.1038/s41598-021-83668-1>

5. Palacios-Pérez M & José MV (2019); Palacios-Pérez M, José MV. The evolution of proteome: From the primeval to the very dawn of LUCA. *Biosystems*. 2019 Jul;181:1-10. doi: 10.1016/j.biosystems.2019.04.007.
6. Prosdociimi F, et al. (2020). The Ancient History of Peptidyl Transferase Center Formation as Told by Conservation and Information Analyses. *Life (Basel)* 5;10(8):134. doi: 10.3390/life10080134.
7. López-Cortés G.I., et al. Neutral evolution test of the spike protein of SARS-CoV-2 and its implications in the binding to ACE2. *Scientific Reports* 2021.PMID: 34552110.
8. López-Cortés GI et al. (2022). The Spike Protein of SARS-CoV-2 Is Adapting Because of Selective Pressures. *Vaccines (Basel)* 10(6):864. doi: 10.3390/vaccines10060864.
9. May RM (1972) Will a large complex system be stable? *Nature* 238:413–414.
10. Rhor RP, et al. (2014). On the structural stability of mutualistic systems. *Science* 345: 6195.
11. Bashan A. et al. (2016). Universality of human microbial dynamics. *Nature* 534: 259.
12. Lenstra R., Antonia C. Lenstra A.C., José M.V. Crick's "Frozen Accident Theory" of the Genetic Code explored by Ising Models. *Journal of Theoretical Biology* 609 (2025) 112146. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2025.112146>.

Libros de Texto

1. May RM (2001) *Stability and complexity in model ecosystems*. Princeton University Press, Princeton. USA.
2. Douglas J. Futuyma. *Evolutionary Biology*. Sinauer, Massachussets 1998.
3. Masatoshi Nei. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. 1987.
4. Motoo Kimura. *Neutral Theory of Molecular Evolution*. Princeton University Press, Princeton, USA.
5. Charles Darwin. *On the Origin of Species*. Modern Paperback Edition. Random House, Inc. 1998.
6. David M. Raup. *Extinction: Bad Genes or Bad Luck?* W.W. Norton & Company. 1991.
7. Ronald Fisher. *The Genetical Theory of Natural Selection*, Clarendon Press, Oxford. 1930.
8. Scott Freeman & Jon C. Heron. *Evolutionary Analysis*. Prentice Hall. 1999.
9. Sean H. Rice. *Evolutionary Theory*. Sinauer Associates. 1961.
10. P. Blanchard, R. Devaney, and G. Hall. (2012) *Differential equations*, Books/Cole. USA. ISBN- 13: 978-0-495-56198-9
11. S.H. Strogatz. *Nonlinear dynamics and chaos*. Westviews Press, Perseus Books Group, (1994).
12. Devlin K. *Mathematics: The Science of patterns*. Scientific American Library (1994). ISSN 1040-3213.
13. Schroeder, Manfred Robert; *Fractals, chaos, power laws*. W.H. Freeman. 1991.