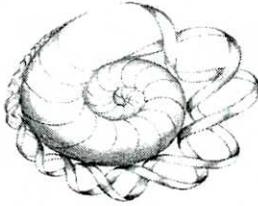


No FOLIA 11



Departamento de Ecología, Genética y Evolución

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad de Buenos Aires
Ciudad Universitaria de Nuñez
C1428EHA Buenos Aires, ARGENTINA

Int. Güiraldes 2620 Ciudad Universitaria - Pab. II, 4º Piso- (011) 4576 3354
CPA:C1428EHA Nuñez, Ciudad Autónoma de Buenos Aires Argentina

Carrera: Licenciatura en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 05
Carrera: Doctorado en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 55
	Código de la materia:

Ecología Molecular

CARÁCTER:	[SI / NO]	PUNTAJE:
Curso obligatorio de licenciatura (plan 19)		--
Curso optativo de licenciatura (plan 1984)		--
Curso de postgrado	si	tres

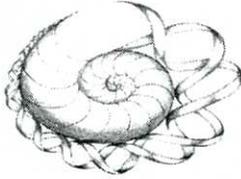
Duración de la materia:	2 Semanas	Cuatrimestre en que dicta:	2do
Frecuencia en que se dicta:	<i>Anualmente</i>		

Horas de clases semanales:	Discriminado por:	Hs.
	Teóricas	15
	Problemas	13
	Laboratorios	0
	Seminarios	5
Carga horaria semanal:		33
Carga horaria total del curso:		<u>66</u>
Salidas de Campo (en días)		0

Asignaturas correlativas:	----
Curso PG. Dirigido a:	Lic. En Cs. Biológicas, Cs. Ambientales, Biotecnología, Ing. Agrónomos y carreras afines.
Forma de Evaluación:	Evaluación Final Escrita

Profesor/a a cargo:	Dra Viviana Andrea Confalonieri
Firma:	
Aclaración:	V. Confalonieri
	Fecha: 20 /04 /2010

Dra. María Isabel Romis
Directora Adjunta
Depto. Ecología, Genética y Evolución



Departamento de Ecología, Genética y Evolución

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad de Buenos Aires
Ciudad Universitaria de Núñez
C1428EHA Buenos Aires, ARGENTINA

CURSO DE POST-GRADO Y/O DOCTORADO

Nombre del Curso	Ecología Molecular
-------------------------	--------------------

Responsable	Viviana Andrea Confalonieri
En caso de que el responsable del Curso no sea Docente de esta Facultad deberá adjuntarse su CV y nota solicitando la autorización	

Docentes que colaboran en el dictado del curso	(se adjunta listado)
Adjuntar LISTADO con nombre, apellido y cargo docente. Si no es docente de esta Facultad deberá adjuntarse CV.	

Curso es dirigido a	Biólogos, Lic. en Cs. Ambientales, Agrónomos, Biotecnólogos, Lic. en Genética, y carreras afines.
----------------------------	---

Cantidad de días que dura el curso	8 días
---	--------

Fecha de inicio	5 de julio de 2010	Fecha de finalización	15 de julio de 2010
En ambos casos consignar día y mes aún cuando sea tentativo			

Modalidad horaria	Lu, Ma y Mi: 9-17 hrs., Jueves: 9-18 horas
Informar días y horario aún cuando sea tentativo. Indicar además si el día sábado se dicta el curso	

Cant. horas totales	66	Cant. horas semanales	33
----------------------------	----	------------------------------	----

Hs. semanales de teóricas	15 hs.
Hs. semanales de problemas	13 hs.
Hs. semanales de laboratorio	00 hs.
Hs. semanales de seminario	5 hs.
Salidas de campo	00 días
En salidas de campo indicar cantidad de días.	

Nº mín. de alumnos	5	Nº max. De alumnos	40
En caso de nº máximo indicar prioridades de ingreso o método de selección.			

Forma de evaluación	Evaluación Final Escrita
----------------------------	--------------------------

Puntaje para doctorado	tres	Puntos	
Justificar si se difiere de las pautas aconsejadas por la Comisión de Investigación, Publicaciones y Postgrado.			

Arancel (Justificar)	300	Módulos	
En caso de aceptar excepciones al arancel total indicarlos con claridad.			

Modalidad de pago	El que establece la Facultad
--------------------------	------------------------------

Aprobación programa	Resolución CD Nº <i>NUEVO</i>
Si aún no fue aprobado poner " <i>nuevo</i> ". En todos los casos adjuntar programa !!	

Comisión que evaluó el curso	Subcom. Doctorado
-------------------------------------	-------------------

Vº Bº del Departamento	
-------------------------------	--

Dra. María Isabel Remis
Directora Adjunta
Depto. Ecología, Genética y Evolución

Docentes Colaboradores

Dra Irina Izaguirre. Profesora Adjunta, FCEyN, UBA.
Dra Bettina Mahler. Jefe de Trabajos Prácticos, FCEyN, UBA
Dra Veronica Lia. Jefe de Trabajos Prácticos, FCEyN, UBA
Dra Marcela Rodriguero. Jefe de Trabajos Prácticos, FCEyN, UBA



Dra. María Isabel Ferrás
Directora Adjunta
Depto. Ecología, Genética y Evolución

Curso de Postgrado
Ecología Molecular

Fundamentos:

La teoría y práctica de la ecología molecular se nutren de diversas disciplinas de la biología, principalmente la genética, la ecología y la biología evolutiva. Aunque el término "ecología molecular" no es particularmente nuevo, no fue sino hasta mediados de los 80' que se reconoce como una verdadera disciplina. Su área de estudio comprende una temática muy amplia, que va desde la genética poblacional y evolutiva, la ecología del comportamiento, la ecología microbiana, la biología de la conservación, la identificación y estudio de los niveles de diversidad de las especies, y las consecuencias ambientales de la liberación de organismos genéticamente modificados.

Desde su fundación su crecimiento ha sido explosivo, en gran medida por el aporte que ha brindado la biología molecular, revolucionando la investigación en ecología. En los últimos 20 años se han desarrollado metodologías cada vez más confiables y accesibles para caracterizar molecularmente individuos, poblaciones y especies, por lo que esta tarea se ha vuelto casi rutinaria. Consecuentemente, se ha generado una enorme cantidad de datos que ha permitido a biólogos evolutivos, genetistas y ecólogos, proponer nuevas hipótesis sobre ecología y evolución en plantas, animales, hongos, algas y bacterias.

Los marcadores moleculares nos permiten, entre otras cuestiones, cuantificar la diversidad genética, rastrear el movimiento de los individuos, medir endogamia, identificar restos de individuos, caracterizar nuevas especies y trazar patrones históricos de dispersión. Todas estas aplicaciones son de gran interés académico y se usan frecuentemente para investigar cuestiones ecológicas prácticas, tales como cuáles son las poblaciones que están en mayor riesgo de extinción dado su nivel de endocria, o también cuánta hibridación ocurrió entre cultivos genéticamente modificados y sus parientes salvajes. Cada vez es mas sencillo y menos costoso adquirir datos de marcadores moleculares, y como consecuencia de esto, muchos laboratorios en todo el mundo pueden lograr objetivos antes impensables tales como la identificación del origen geográfico de especies invasoras a partir de unas pocas muestras, o monitorear poblaciones de especies esquivas tales como el jaguar o los osos, basado en nada mas que un simple cabello.

Objetivos:

- 1) Destacar la importancia de los estudios sobre biodiversidad molecular en estudios ecológicos y de conservación.
- 2) Comprender los principios genéticos y evolutivos que subyacen a la elaboración de los algoritmos utilizados en ecología molecular.

JH

Dra. María Isabel Remis
Directora Adjunta
Depto. Ecología, Genética y Evolución

IR

- 3) Aprender a utilizar las herramientas informáticas mas comúnmente usadas para el análisis de caracteres moleculares aplicados a estudios de ecología molecular.

Modalidad de enseñanza:

En las clases teóricas se abordaran todos los contenidos desarrollados en el programa del curso.

En las clases prácticas los alumnos desarrollarán las siguientes actividades:

- Resolverán ejercicios relacionados con los contenidos vistos en teoría.
- Aplicarán programas informáticos de Análisis Molecular de Varianzas, Análisis Filogeográfico, Análisis de Estructuración Poblacional, y de Parentesco. Se aplicarán algoritmos estadísticos clásicos, de Máxima Verosimilitud y Bayesianos.
- Leerán bibliografía específica para el análisis de los temas, creando espacios para reflexionar, ejercitar y afianzar el pensamiento crítico.
- Elaborarán monografías e Informes escritos y orales.

Programa

1. Genética Molecular y Ecología. Qué es la ecología molecular? Una perspectiva evolutiva de la ecología molecular.. Genética Ecológica. Genotipo, fenotipo y plasticidad fenotípica. Fuente de datos en ecología molecular
2. Marcadores moleculares en ecología. Marcadores nucleares y de organelas. ADN mitocondrial de animales y plantas. ADN de cloroplastos. Cromosomas haploides. Marcadores uniparentales y biparentales. Marcadores codominantes y dominantes.
3. Genética molecular de poblaciones: Introducción de conceptos básicos (población panmíctica, la población como unidad de evolución, herramientas de la genética de poblaciones, estructura genética de una población, equilibrio de Hardy Weinberg). Deriva Genética. Estadísticos F de Wright. Partición del F por análisis de varianza. Análisis de la varianza molecular (AMOVA). Desarrollo metodológico. Distancias evolutivas entre haplotipos. Partición de la matriz de distancias en componentes jerárquicos. Estadísticos Φ . Medidas de distancia utilizadas para cada marcador (AFLP, microsatélites, etc.). Modelos de evolución molecular y cálculo de distancias de sustitución nucleotídicas. Ejemplos de aplicación de AMOVA. Uso del programa ARLEQUIN.
4. Genética molecular de metapoblaciones. Definición de metapoblaciones. Métodos Bayesianos de asignación poblacional de individuos y del número de unidades panmícticas (K). Identificación de inmigrantes. Uso del programa STRUCTURE y modelos estadísticos subyacentes.
5. Análisis filogeográfico: Definición. Marcadores moleculares en filogeografía. El ADN mitocondrial como herramienta básica en estudios filogeográficos. Alternativas al ADN mitocondrial. Teoría de la coalescencia y genealogías. Árboles y Redes.
6. Análisis filogeográfico: Análisis Cladístico Anidado (NCA). Criterios de Máxima Parsimonia para la reconstrucción filogenética. Distribución en el espacio de

linajes génicos. Determinación de subestructuración poblacional. Procesos recurrentes e históricos que determinan la subestructuración poblacional. Inferencia de procesos históricos o recurrentes mediante uso de clave de Templeton (2004). Críticas y bondades del método. Uso de los programas TNT, TCS, GEODIS.

7. Análisis Filogeográfico: La teoría de la coalescencia aplicada a la Filogeografía Estadística. Bases de la teoría de la coalescencia. El modelo de Fisher-Wright. La distribución geométrica y exponencial. Coalescencia de una muestra de dos genes y de n genes. Tamaño poblacional efectivo. De las genealogías a las secuencias: el modelo de alelos infinitos y de sitios infinitos. Número de sitios segregantes. Distribución Mismatch. Estimadores θ y D de Tajima. Extensiones a la coalescencia básica. La coalescencia con tamaños poblacionales fluctuantes. La genealogía bajo crecimiento exponencial. Efectos genealógicos de los cuellos de botella. La coalescencia con estructuración poblacional y con selección equilibradora. Críticas y bondades del método. Uso de programas de filogeografía estadística.
8. Aplicaciones del análisis filogeográfico: Consecuencias genéticas de las glaciaciones del Pleistoceno. Filogeografía y coevolución. Eventos geológicos y tasas de divergencia molecular. Estimación de tiempos de divergencia. Especies crípticas y Decisiones taxonómicas. Determinación del rango natural de distribución de una especie. Determinación de la población de origen de una especie introducida. Determinación de caracteres adaptativos.
9. Ecología del comportamiento: Marcadores moleculares utilizados para investigar sistemas de apareamiento. Análisis de paternidad. Determinación de sistemas de apareamiento desconocidos. Análisis de paternidad aplicados a estudios de dimorfismo sexual, selección sexual y competencia de espermas. De la monogamia a la promiscuidad: estudios mediante marcadores moleculares. Elección del macho y el Complejo Mayor de histocompatibilidad. Sexado molecular. Determinación de desvíos en relaciones de sexos. Determinación de paternidad para poner a prueba modelos de comportamiento cooperativo. Marcadores mitocondriales aplicados al estudio del parasitismo de cría.
10. Ecología microbiana orientada a los ecosistemas acuáticos. El papel de las comunidades microbianas en la naturaleza. Problemas de la microbiología molecular. Genes ribosomales como marcadores de utilidad en la identificación de microorganismos. Sondas genéticas para la identificación. Aplicación de la técnica de CARD-FISH para la cuantificación de grupos bacterianos y otros organismos de la trama microbiana. Análisis de la biodiversidad microbiana por técnicas de fingerprinting (ej. DGGE). Perfiles genéticos de comunidades microbianas. Aplicación de técnicas moleculares en estudios regionales de comparación de ambientes. Clonado de comunidades microbianas. Otras alternativas al ARN ribosomal para la identificación de comunidades microbianas.
11. Ecología molecular y organismos genéticamente modificados (OGM). Riesgos ambientales de los OGM. El papel de la ecología molecular en la investigación sobre OGM. Transferencia horizontal en la naturaleza. Efectos de los OGM en las comunidades naturales. Transferencia de genes desde los OGM hacia otros organismos. Transferencia vertical vs. Transferencia horizontal. Efectos de los genes introducidos en otras especies. OGM y evolución de genes de resistencia. Modelos poblacionales. Estima de los valores adaptativos. Programa de refugios como estrategia en el manejo integrado de plagas.

Estima de porcentaje de refugios en condiciones de equilibrio. Modelos teóricos vs. modelos reales: ¿funcionan los refugios?

Trabajos Prácticos:

- 1) **Genética Molecular de Poblaciones y Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA)**
- 2) **Metapoblaciones y Flujo génico:** Una aproximación bayesiana a la identificación de unidades panmícticas y detección de migrantes
- 3) **Marcadores moleculares aplicados a estudios de comportamiento animal**
Paternidad y sistemas de apareamiento
- 4) **Análisis Filogeográfico I**
- 5) **Filogeografía II: Pruebas de Expansión Poblacional**

Bibliografía:

- BEEBE, T. & ROWE, G. 2005. *An introduction to molecular ecology*. Oxford University Press. Great Britain.
- BLAXTER, M., J. MANN, T. CHAPMAN, F. THOMAS, C. WHITTON, R. FLOYD & E. ABEBE. 2005. Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. *Phil. Trans. R. Soc. B* 360: 1935-1943.
- CAMERON, S., D. RUBINOFF & K. HILL. 2006. Who will actually use DNA barcoding and what will it cost? *Syst. Biol.* 55(5): 844-847.
- CLEMENT, M., D. POSADA, K. CRANDALL. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 9:1657-1660.
- CONFALONIERI, V.A. y C. ROCA. *Manejo integrado de plagas – Programa de Refugios*. En: *Biotecnología y Mejoramiento vegetal II* Editores: Clara Rubinstein, Viviana Echenique, Esteban Hopp, Luis Mroginski y Gabriela Levitus. INTA. ArgenBio. Buenos Aires. Argentina. En prensa.
- CRANDALL KA (1996) Multiple interspecies transmissions of human and simian T-cell leukemia/lymphoma virus type I sequences. *Molecular Biology and Evolution* 13, 115-131.
- DIEZ B, PEDRÓS-ALIÓ C, MARSH TL, MASSANA R (2001). Application of Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE) to study the diversity of marine picoeukaryotic assemblages and comparison of DGGE with other molecular techniques. *Applied and Environmental Microbiology*, 67(7): 2942-2951.
- FREELAND, J.R. 2005. *Molecular Ecology*. Ed.: John Wiley and Sons, Ltd. The Atrium, Southern Gate, Chichester, West Sussex, England. 2005.
- FROMIN N, HAMELIN J, TARNAWSKI S, ROESTI D, JOURDAIN-MISEREZ K, FORESTIER N, TEYSSIER-CUVELLE S, GILLET F, ARAGNO M, ROSSI P (2002). Statistical análisis of denaturing gel electrophoresis (DGE) fingerprinting patterns. *Environmental Microbiology*, 4(11): 634-643.
- FUNK, D. J. & K. E. OMLAND. 2003. Species level paraphyly and polyphyly: frequency, causes and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 34: 397-423.
- GEORGIADIS N, BISCHOF L, TEMPLETON A *et al.* (1994) Structure and history of African elephant populations: I. Eastern and Southern Africa. *The Journal of Heredity* 85, 100-104.

- GOLOBOFF, P.A., FARRIS, J. S. & NIXON, K. 2003. *Tree Analysis Using New Technology Version 1.0* □ Available from the authors and from <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny>
- HAMMER MF, KARAFET T, RASANAYAGAM A *et al.* (1998) Out of Africa and back again: nested cladistic analysis of human Y chromosome variation. *Molecular Biology and Evolution* **15**, 427-441.
- HEIN, J., SCHIERUP, M.H., y CARSTEN, W. (2006) *Gene Genealogies, Variation and Evolution: a primer in Coalescent Theory*. Oxford University Press.
- HICKERSON, M. J., C. P. MEYER & C. MORITZ. 2006. DNA Barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Syst. Biol.* 65(5): 729-739.
- KARAFET TM, ZEGURA SL, POSUKH O *et al.* (1999) Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes. *American Journal of Human Genetics* **64**, 817-831.
- KEMP PF, ALLER JY (2004) Estimating prokaryotic diversity: when are 16S rDNA libraries large enough? *Limnol & Oceanogr. Meth* 2: 114-125.
- KEMP PF, SHERR BF, SHERR EB, COLE JJ (Eds.) (1993). *Handbook of methods of Aquatic Microbial Ecology*. Lewis Publishers, New York, 777 pp.
- KNOWLES, L. y MADDISON, W.P. (2002). *Statistical Phylogeography*. *Molecular Ecology* 11: 2623-2635.
- LANTERI, A. A. & V. A. CONFALONIERI. 2003. Filogeografía: objetivos, métodos y ejemplos. Pp. 185-193. *En: Llorente Bousquets, J. & J.J. Morrone (eds.). Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía*. Facultad de Ciencias, UNAM, México.
- PACE N (1997). A molecular view of microbial diversity and the Biosphere. *Science*, 276: 734-740
- PERNTHALER, A., PERNTHALER J, AMANN R (2002). Fluorescence In Situ Hybridization and Catalyzed Reported Deposition for the identification of marine bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(6): 3094-3101.
- PORTILLO MC, GONZALEZ JM (2008). Statistical differences between relative quantitative molecular fingerprints from microbial communities. *Antonie van Leeuwenhoek*, 94: 157-163.
- POSADA, D., K.A. CRANDALL, A.R. TEMPLETON. 2000. GEODIS: a program for the cladistic nested analysis of the geographical distribution of genetic haplotypes. *Mol. Ecol.* 9:487-488.
- TABASHNIK B.E. and CARRIERE, Y. 2008. Insect resistance to genetically modified crops. In: A.M.R. Gatehouse and N. Ferry (ed.) *Environmental Impact of Genetically Modified Crops*. CABI, Wallingford, UK. In press.
- TABASHNIK B.E., DENNEHY, T.J. and CARRIERE, Y. 2005. Delayed resistance to transgenic cotton in pink bollworm. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **102**, 15389-15393.
- TABASHNIK B.E., GASSMANN A.J., CROWDER D.W. and CARRIERE, Y. 2008. Insect resistance to *Bt* crops: evidence versus theory. *Nature Technology*, **26**, 199-202.
- TEMPLETON AR (1998a) Human Races: A Genetic and Evolutionary Perspective. *American Anthropologist* **100**, 632-650.
- TEMPLETON AR (1998b) Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history. *Molecular Ecology* **7**, 381-397.
- TEMPLETON AR (1998c) The role of molecular genetics in speciation studies. In *Molecular Approaches to Ecology and Evolution* (ed. De Salle R, Schierwater B), pp. 131-156. Birkhäuser-Verlag, Basel.
- TEMPLETON AR (1998d) Species and speciation: geography, population structure, ecology and gene trees. In *Endless forms: Species and Speciation* (ed. Howard DJ, Berlocher SH), pp. 32-43. Oxford University Press, Oxford.

Dra. María Isabel Remis
Directora Adjunta
Depto. Ecología, Genética y Evolución

TEMPLETON AR (1999) Using gene trees to infer species from testable null hypothesis: cohesion species in the *Spalaxhrenbergi* complex. In *Evolutionary Theory and Processes: Modern Perspectives, Papers in Honour of Eviatar Nevo* (ed. Wasser SP), pp. 171-192. Kluwer Academic, Dordrecht.

TEMPLETON AR, BOERWINKLE E, SING CF (1987) A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. I. Basic theory and an analysis of alcohol dehydrogenase activity in *Drosophila*. *Genetics* **117**, 343-351.

TEMPLETON AR, CRANDALL KA, SING CF (1992) A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics* **132**, 619-633.

TEMPLETON AR, SING CF (1993) A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping. IV. Nested analyses with cladogram uncertainty and recombination. *Genetics* **134**, 659-669.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 498.273/2010

Buenos Aires,

VISTO

la nota de la Dra. María Isabel Remis, Directora Adjunta del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, mediante la cual eleva la Información y el Programa del Curso de Posgrado **ECOLOGÍA MOLECULAR**, que será dictado en el Primer cuatrimestre de 2010 (05 al 15 de Julio de 2010), por la Dra. Viviana Andrea Confalonieri,

14 JUN 2010

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado el 21/05/2010,
lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Posgrado,
lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,
lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,
en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo N° 113° del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE
CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

RESUELVE:

Artículo 1°: Autorizar el dictado del Curso de Postgrado **ECOLOGÍA MOLECULAR**, de 66 hs. de duración.

Artículo 2°: Aprobar el Programa del Curso de Posgrado **ECOLOGÍA MOLECULAR**, obrante a fs 8 a 13 del Expediente de la Referencia.

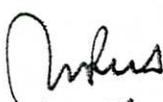
Artículo 3°: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera de Doctorado.

Artículo 4°: Aprobar un Arancel de 300 Módulos. Disponer que los montos recaudados serán utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Biblioteca de la FCEN y a la Subsecretaría de Postgrado (con fotocopia de Programa incluido: fs 8 a 13); comuníquese a la Dirección de Alumnos (sin fotocopia del Programa). Cumplido archívese.

Resolución CD N°
SP/med/27/05/2010

1338


Dra. MATILDE RUSTICUCCI
SECRETARIA ACADEMICA


Dr. JORGE ALIAGA
DECANO