



# Genética y Ecología Molecular I

*Curso de Doctorado y Postgrado*  
*Departamento de Ecología, Genética y Evolución*

**Docentes:**

*Profesora Responsable:* Dra Viviana Confalonieri

**Colaboradores:**

Teóricas: Dra Verónica Lia y Dra Bettina Mahler

Prácticas: Dra Verónica Lia y Dra Marcela Rodriguez

**Fecha de realización:**

Desde el 18 de marzo hasta el 13 de mayo de 2016

**Preinscripción:**

Escribir a [genetica2uba@gmail.com](mailto:genetica2uba@gmail.com). Deben consignarse los siguientes datos: 1) tema de investigación, 2) etapa de formación en la carrera de postgrado/doctorado, 3) interés por el curso.

**Inscripción definitiva:**

Para alumnos de doctorado FCEyN:

Por sistema oficial de inscripciones (<http://inscripciones.exactas.uba.ar/exactas/>). Fecha a confirmar

Para alumnos externos:

Preinscribirse a través del mail y luego seguir las instrucciones en

[http://exactas.uba.ar/academico/display.php?estructura=2&desarrollo=0&id\\_caja=135&niv\\_el\\_caja=2](http://exactas.uba.ar/academico/display.php?estructura=2&desarrollo=0&id_caja=135&niv_el_caja=2)

**Horarios**

Prácticas: Martes y Viernes de 9:30 a 13:30 horas

Teóricas: Martes y Viernes de 14:30 a 17 horas

**Puntos para el doctorado: 3**

**Arancel: 500\$**

**Fundamentos**

El curso "Genética y Ecología Molecular I" se fundamenta en la necesidad de formar alumnos de Doctorado en Cs. Biológicas y afines en una disciplina joven y en constante crecimiento como lo es la ecología molecular, también llamada genética ecológica. Abarca dos módulos principales: Genética del paisaje y Genética del comportamiento. La teoría y práctica de esta temática se nutre de diversas disciplinas de la biología, principalmente la genética, la ecología y la biología evolutiva, y también de otras disciplinas tangenciales como lo son la bioinformática. 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. En paralelo a esto, el gran avance informático ha permitido implementar algoritmos desarrollados en relación a ésta, y otras disciplinas muy relacionadas como lo es el análisis filogenético, y poder así responder de una manera más rigurosa a las tantas preguntas que surgen como resultado de las investigaciones en este nuevo campo de la ciencia. Los marcadores moleculares nos permiten, 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 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. Por todo lo expuesto, es fundamental que biólogos orientados hacia la genética evolutiva y la ecología, tengan la oportunidad de adquirir los conocimientos básicos y las herramientas fundamentales en relación a esta temática.

### **Objetivos:**

- 1) Destacar la importancia de los estudios sobre biodiversidad molecular en estudios ecológicos, en particular aquellos relacionados a la genética del paisaje y del comportamiento.
- 2) Comprender los principios genéticos y evolutivos que subyacen a la elaboración de los algoritmos utilizados en ecología molecular.
- 3) Aprender a utilizar las herramientas informáticas más comúnmente usadas para el análisis de caracteres moleculares aplicados a estudios de ecología molecular.

### **PROGRAMA**

#### **Modulo I: Genética del Paisaje**

1. Introducción: Definición de Genética del Paisaje. Introducción de conceptos básicos de Genética de Poblaciones: población panmictica, la población como unidad de evolución, herramientas de la genética de poblaciones, estructura genética de una población, equilibrio de Hardy Weinberg, deriva genética, adaptación y selección Natural, estadísticos F de Wright. Tamaño efectivo. Factores que diferencian el tamaño efectivo y el real. Tamaño

efectivo y el concepto de aislamiento por distancia. Vecindario genético. Marcadores moleculares utilizados en Genética del Paisaje. Metodologías utilizadas en genética del paisaje. Herramientas de análisis espacial: estadísticos espaciales y herramientas básicas de GIS. Patrones genéticos en el espacio (clinas, patrones aleatorios, metapoblaciones). Ventajas de la genética del paisaje.

2. Análisis Molecular de la Varianza: 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  $\Phi$ . Medidas de distancia utilizadas para cada marcador (AFLP, microsátelites, etc.). Modelos de evolución molecular y cálculo de distancias de sustitución nucleotídicas. Ejemplos de aplicación de AMOVA. Uso del programa ARLEQUIN.

3. Flujo Génico y Dispersión. Formas de cuantificar la capacidad de dispersión y el flujo génico. Métodos directos: Captura y recaptura; seguimiento por radares; isótopos estables; análisis de paternidad. Métodos indirectos: método de Wright (1951). Test de asignación. Usos de test de asignación en ecología molecular. Comparación de los tres métodos.

4. Métodos de agrupamientos Bayesianos. Máxima Verosimilitud. Estadística Bayesiana vs. Estadística Clásica. Críticas al paradigma clásico. Teorema de Bayes. Probabilidades *a priori* y *a posteriori*. "Flat priors". Distribución de probabilidades. Probabilidades objetivas y subjetivas. Ejemplos comparados de enfoque clásico y bayesiano. Uso de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC). Métodos Bayesianos de asignación poblacional de individuos y del número de unidades panmicticas (K). Genotipos multilocus. Identificación de inmigrantes. Uso del programa STRUCTURE y modelos estadísticos subyacentes.

5. Métodos de Autocorrelación Espacial y de Interpolación Espacial. Correlación de distancias genéticas y variables ambientales. Determinación de gradientes. Clinas. Interpolación espacial en especies de distribución uniforme: definición. Identificación de barreras del flujo génico asociadas a ambientes no utilizables: Algoritmo de Monmonier. Métodos de Autocorrelación espacial. Uso del programa Allele in Space (AIS) y DIVA GIS.

6. Métodos de regresión y Análisis Multivariado. Especies con distribución uniforme de poblaciones. Test de Mantel y cálculo del Tamaño del Vecindario. Análisis Multivariado y Síntesis de Mapas. Análisis de Componentes Principales y de Correlación Canónica.

## Modulo II: Genética del Comportamiento

7. Análisis de paternidad y parentesco I: Marcadores moleculares utilizados en estudios de comportamiento. DNA Fingerprinting y microsátelites. Categorías de los estudios de paternidad. Probabilidad de exclusión. Inferencias basadas en Likelihood. Elección del método. Cálculo del coeficiente de parentesco "r". Asignación de categorías de relaciones por simulaciones Monte Carlo y Máxima Verosimilitud. Coeficiente de parentesco y

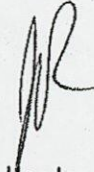
estudios de composición de grupos y de comportamientos cooperativos. "Kin Selection".  
Uso del programa MLRelatedness.

8. Análisis de paternidad y parentesco II: determinación de los sistemas de apareamiento (monogamia, poligamia y promiscuidad). Sistemas de apareamiento sociales vs. genéticos. Parasitismo intraespecífico. Éxito reproductivo individual. Patrones de selección sexual. Competencia espermática. Elección del macho y el Complejo Mayor de histocompatibilidad. Sexado molecular. Determinación de desvíos en relaciones de sexos. Uso del programa COLONY.

### **Bibliografía citada y sugerida**

- Beebe, T. & Rowe, G. 2005. *An introduction to molecular ecology*. Oxford University Press. Great Britain.
- Corander, J., Waldmann, P., and Sillanpää, M. (2003). Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. *Genetics* 163, 367-374.
- Dawson, K.J., and Belkhir, K. (2001). A Bayesian approach to the identification of panmictic populations and the assignment of individuals. *Genet. Res.* 78,59-77.
- Fenchel, T. and Finlay, B. J. (2004). The ubiquity of small species: patterns of local and global diversity. *BioScience*. 54:777-784.
- Ford M.J. 2002. Applications of selective neutrality tests to molecular ecology. *Mol. Ecol.* 11: 1245-1262.
- Freeland, J.R., Heather, K y Petersen, S. 2011. *Molecular Ecology*. Second Edition. Ed.: Wiley and Blackwell.
- Guzman, N.V, Lia, V.V, Lanteri, A.A., Confalonieri, V.A. 2007. Population structure of the boll weevil in cotton fields and subtropical forests of South America: A bayesian approach. *Genetica* 131: 11-20.
- Hamilton, M. 2009. *Population genetics*. Wiley-Blackwell Eds. John Wiley & Sons Ltd, The Atrium, Southern Gate, Chichester, West Sussex, PO19 8SQ, UK
- Hanski, I. (1998). Metapopulation dynamics. *Nature* 396, 41-49
- Jones, A.G.; Small, C.M., Paczolt, K.A. y Ratterman, N.L. 2010. A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 10, 6-30
- Kuhner M.K., Yamato J. and Felsenstein J. 1995. Estimating effective population size and mutation rate from sequence data using Metropolis-Hastings sampling. *Genetics* 140: 1421-1430.
- Lacey, E. 2001. Microsatellite variation in solitary and social tuco-tucos: molecular properties and population dynamics. *Heredity*, 86: 628-637
- Lacey, E., S. Braude, J. Wiczorek. 1997. Burrow sharing by colonial tuco-tucos (*Ctenomys sociabilis*). *Journal of Mammalogy*, 78(2): 556-562
- Landry, C.R. y Nadia Aubin -Horth. Eds. 2014. *Ecological Genomics: ecology and the evolution of genes and genomes*. Springer Science and Business Media Dordrecht.
- Lia, V.V, Confalonieri, V.A., y Poggio, L. B 2007. Chromosome polymorphism in maize landraces: adaptive vs. demographic hypothesis of clinal variation. *Genetics* 177: 895-904

- Pritchard, J., Stephens, M., and Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
- Rannala, B., and Mountain, J.L. (1997). Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 94, 9197-9201
- Ter Braak, C. J. S. and Smilauer, P. (2002). CANOCO reference manual and CanoDraw for Windows user's guide: software for canonical community ordination, version 4.5. Microcomputer Power, Ithaca, N.Y.
- Waits, L.P., Luikart, G y Taberlet, P. 2001. Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology* 10, 249-256.
- Shoemaker, J.S, Painter, I.S.; Weir, B.S. 1999. Bayesian statistics in genetics: a guide for the uninitiated. TIG 15, No 9.
- Storfer, A, Murphy MA, Evans JS, Goldberg CS, Robinson S, Spear SF, Dezzani R, Delmelle E, Vierling L y Waits LP. 2007. Putting the 'landscape' in landscape genetics. *Heredity* (2007) 98, 128-142.



Dra. Haydee N. Pizarro  
Directora Adjunta  
Depto. Ecología, Genética y Evolución



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 500.589/11

Buenos Aires, 14 MAR 2016

**VISTO:**

la nota presentada por la Dra. Haydee N. Pizarro, Directora Adjunta del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Genética y ecología molecular I**, que será dictado del 18 de marzo al 13 de mayo de 2016 por la Dra. Viviana Confalonieri con la colaboración de la Dra. Verónica Lia, la Dra. Bettina Mahler y la Dra. Marcela Rodríguez,

**CONSIDERANDO:**

- lo actuado por la Comisión de Doctorado,
- lo actuado por la Comisión de Postgrado,
- 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 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD  
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
RESUELVE:**

**Artículo 1°:** Aprobar el curso de posgrado **Genética y ecología molecular I**, de 72 horas de duración.

**Artículo 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado **Genética y ecología molecular I** obrante a fs 41 a 45 del expediente de la referencia.

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

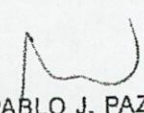
**Artículo 4°:** Aprobar un arancel de 500 módulos. Disponer que los montos recaudados sean utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

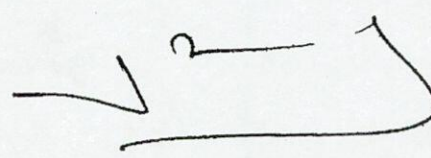
**Artículo 5°:** Comuníquese a la Biblioteca de la FCEyN con fotocopia del programa incluida.

**Artículo 6°:** Comuníquese a la Secretaría de Postgrado, a la Dirección de Alumnos, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución y a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad. Cumplido, archívese.

RESOLUCIÓN CD N°  
SP-GA-22/02/2016

**0442**

  
Dr. PABLO J. PAZOS  
Secretario Adjunto de Posgrado  
FCEyN - UBA

  
Dr. JUAN CARLOS REBORADA  
DECANO