



DOCTORADO EN CIENCIAS APLICADAS

*Curso de Posgrado*

# Métodos de Análisis de Datos Moleculares en Genética de Población

**DICTADO**

15 al 19 de Agosto del 2016

**Horarios:**

De 9:00 a 12:00 hs y de 14:00 a 17:00 hs

FCEQyN - UNaM

**30 hs.**

## DOCENTES A CARGO

Dra. María Victoria GARCIA

Dra. María Eugenia BARRANDEGUY  
(FCEQyN, UNaM-CONICET)

## ARANCELES

**\$ 1500** Alumnos del Doctorado en Ciencias Aplicadas

**\$1800** Externos al Doctorado en Ciencias Aplicadas

**\$1300** Alumnos de Lic. en Genética (sujeto a tener aprobada Genética de Poblaciones y Cuantitativa –De aprobar el Curso se les dará Certificado de Asistencia)

## VACANTES

**25 Alumnos**

## FECHA LÍMITE DE INSCRIPCIÓN

Viernes 12 de Agosto

## FORMAS DE PAGO

**Efectivo:** en la Secretaría del Doctorado

**Depósito Bancario:** Cuenta Corriente. en pesos  
Facultad de Ciencias. Exactas, Químicas. y Naturales  
N° Cta. Cte. 40.700.270/44

CBU: 01104077-20040700270442.

(Enviar comprobante de pago por correo electrónico al Doctorado).

## CONSULTAS

**Secretaría del Doctorado en Ciencias Aplicadas**

1° piso Módulo Campus de FCEQYN (Ruta 12 –Km 7,5 -  
Posadas-Misiones)

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales.

Universidad Nacional de Misiones

E-mail: doctoradoaplicadas@gmail.com

# CONTENIDOS

## Fundamento del curso

Sabido es que no hay recetas ni herramientas mágicas para analizar la información generada por cualquier clase de metodología. En el caso de la información generada por los marcadores moleculares se debe ser cuidadoso en el diseño experimental y en el objetivo del estudio, favorecer el desarrollo de herramientas estadísticas precisas y robustas, tener siempre presente la hipótesis subyacente al estudio y testar su validez biológica. Así, el entendimiento y el alcance que sedé a los estudios que se desarrollen mediante el empleo de marcador es molecular es dependerán del grado de detalle analítico y del significado biológico que el investigador pueda hacer dada la cantidad, variedad y calidad de la información con que se cuenta y a partir del modelo que se aplique en el estudio.

## Objetivos

- Comprender las diferentes metodologías de análisis estadístico de los datos moleculares.
- Definir el alcance de la aplicación de las diferentes metodologías de análisis.
- Analizar e interpretar los resultados de las diferentes metodologías de análisis.
- Presentar y discutir diferentes ejemplos de aplicación para la resolución de problemas en el área de Genética de Poblaciones, Evolución molecular y Genética ecológica.

### **Módulo 1:**

Objetivos y alcances de la Genética de Poblaciones. Frecuencias alélicas, haplotípicas y polimorfismo. Estimaciones de diversidad genética. Procesos microevolutivos: Selección, mutación, migración/flujo génico y deriva genética. Sistemas de apareamiento: Endocria. Endocria por ancestralidad compartida. Endocria como desviación de las proporciones esperadas bajo apareamiento al azar.

Parte Práctica: Caracterización de la diversidad genética. Aplicación de *softwares* de uso corriente.

### **Módulo 2:**

Teoría neutral. Tasa de reemplazo de los aminoácidos. Tasa de sustitución de nucleótidos. Polimorfismo de ADN: Sitios segregantes y Diversidad de nucleótidos. Pruebas de neutralidad: Prueba Hudson–Kreitman–Aguadé (HKA). Prueba McDonald–Kreitman (MK). Prueba de Tajima (D). Test de *outliers*. Distribuciones desapareadas.

Parte práctica: Pruebas de neutralidad. Aplicación de *software* de uso corriente.

### **Módulo 3:**

Estructura genética de las poblaciones. Rol de los procesos micro evolutivos: Migración/flujo génico – Deriva genética. Genética del paisaje. Potencial adaptativo de las poblaciones.

Parte práctica: Determinación y cuantificación de la estructura genética de las poblaciones: Métodos basados en distancia. Métodos basados en modelos. Aplicación de *software* de uso corriente.

**Módulo4:** Inferencia de la historia poblacional y de eventos demográfico-históricos. Genomas extra nucleares. Coalescencia. Método de aproximación bayesiana (*Aproximate Bayesian Computation* – ABC). Tiempos de divergencia. Parte práctica: Determinación de expansión poblacional y cuellos de botella poblacionales. Estimación de tiempos de divergencia. Redes de haplotipos. Aplicación de *software* de uso corriente.

### **Metodología de la enseñanza**

Clases de exposición y discusión de los métodos estadísticos de análisis de los datos moleculares y la interpretación de estos resultados en el marco de estudios genéticos, ecológicos y evolutivos. Aplicación de *software* de análisis de uso corriente en la disciplina y resolución de casos prácticos.

### **Evaluación**

Evaluación final escrita.

### **Requisito para asistir al curso:**

Computadora personal.