

Aspectos generales

Título:	Evolución molecular adaptativa
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
Posgrado en Ciencias Biológicas	
Área del conocimiento:	Ecología y biología evolutiva
Semestre:	2024-2
Modalidad:	Tópico selecto
Horario:	Martes y jueves de 10 am a 12 pm
No. sesiones:	32
Horas por sesión:	2.0
Total alumnos PDCB:	10
Total alumnos:	20
Videoconferencia:	Si
Lugar donde se imparte:	Instituto de Ecología - UNAM
Informes:	jaramillo@ecologia.unam.mx

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Participación en clase	10%	
Presentación de artículo y discusión	20%	
Trabajo final	60%	Cumulativo a lo largo de todo el semestre
Trabajos	10%	

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

La mayoría de los cursos que se imparten actualmente en el posgrado (incluyendo el PDCB y el posgrado en Ciencias Biológicas) se enfocan en la variación neutral y los procesos estocásticos (deriva génica, demografía histórica, etc.) que la modelan. Sin embargo, muchas de las interpretaciones que hacen los estudiantes se enfocan hacia procesos selectivos, sin ahondar ni efectuar pruebas específicas de selección a nivel molecular o poblacional. Este curso busca llenar ese vacío a partir de revisiones teóricas, discusiones de artículos y algunos ejercicios prácticos. Se hará un especial énfasis en la detección de candidatos y en las pruebas posteriores para demostrar causalidad. La idea final del curso es contribuir al análisis de los datos de los alumnos y facilitar su integración en alguno de los capítulos de sus tesis. Es por esto que los interesados deberán poseer datos propios para ser analizados y discutidos en clase.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Jaramillo Correa Juan Pablo
Teléfono:	(55) 56 22 90 15
Email:	jaramillo@ecologia.unam.mx

Profesores (as) participantes

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

JARAMILLO CORREA JUAN PABLO Responsable	Instituto de Ecología	Alternativas a la selección Alternativas a la selección 2 Alternativas a la selección 3 Carga genética Carga genética 2 Carga genética 3 Espectro de frecuencias y efectos de la demografía Espectro de frecuencias y efectos de la demografía 2 Espectro de frecuencias y efectos de la demografía 3 Introducción a la evolución molecular Introducción a la evolución molecular 2 Introducción a la evolución molecular 3 Pruebas de asociación Pruebas clásicas de selección Pruebas clásicas de selección 2 Pruebas clásicas de selección 3 Validación de candidatos Validación de candidatos 2 Validación de candidatos 3 Validación de candidatos 4
GASCA PINEDA JAIME Integrante	Instituto de Ecología, Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental	Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs 2 Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs 3 Pruebas de asociación Pruebas de asociación 2 Pruebas de asociación 3
GRANADOS AGUILAR XOCHITL CITLALMINA Integrante	Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, UNAM/ CONHACYT	Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs 2 Filtrado de lecturas y genotipado de SNPs 3 Mapas de ligamiento, asociaciones fenotípicas y búsqueda de QTLs Mapas de ligamiento, asociaciones fenotípicas y búsqueda de QTLs 2 Mapas de ligamiento, asociaciones fenotípicas y búsqueda de QTLs 3

Introducción

Discusión de artículos recientes y de capítulos de libro clásicos sobre los métodos para inferir variación adaptativa en estudios genómicos y genético-poblacionales. La mayoría de los cursos que se imparten actualmente en el posgrado (incluyendo el PDCB: filogeografía, genética del paisaje, evolución molecular y genética de poblaciones) se enfocan en la variación neutral y los procesos estocásticos (deriva génica, demografía histórica, etc.) que la modelan; todos ellos tratan la parte adaptativa de forma muy somera y sin ahondar en las pruebas específicas de selección a nivel molecular. En este curso se busca llenar ese vacío a través de la discusión de artículos recientes y de ejercicios prácticos en clase para encontrar señales de adaptación a nivel molecular. Se aceptarán únicamente estudiantes que tengan conocimientos avanzados de genética de poblaciones y/o evolución molecular. Los interesados deberán poseer datos propios para ser analizados en un contexto adaptativo y cuyos resultados puedan ser discutidos en clase.

Temario

- Introducción a análisis bioinformáticos
Introducción a los Scripts
Funciones básicas de navegación y manejo de archivos vcf
Filtrado de secuencias e identificación de SNPs
- Introducción a la evolución molecular
Diversidad nucleotídica
Espectro de frecuencias (SFS)
Efectos de la demografía y selección en el SFS
- Test clásicos de selección natural en evolución molecular
Lewontin-Krakauer, D,F, H, dN/dS, etc.
Influencia de la demografía histórica y de factores filogenéticos
- Carga genética y distribución de efectos en el fitness
- Métodos de asociación genética y detección de outliers

(BayeScan, PCAdapt, LFMM, etc.).

6. Validación de candidatos
Ensayos de procedencia
Transplantes recíprocos
Transcriptómica y metabolómica
Transformación genética

7. Alternativas a la selección
Plasticidad fenotípica
Factores epigenéticos
Evolución no-adaptativa

Bibliografía

BERG, J.J., and G. COOP, 2014 A population genetic signal of polygenic adaptation. *PLoS Genetics* 10: e1004412

BOITARD, S., C. SCHLOTTERER, V. NOLTE, R.V. PANDEY AND A. FUTSCHIK 2012 Detecting selective sweeps from pooled Next-Generation sequencing samples. *Mol Biol Evol* 29: 2177-2186

CHEN G-B, LEE SH, ZHOU Z-X, BENYAMIN B, ROBINSON MR 2016 EigenGWAS: finding loci under selection through genome-wide association studies of eigenvectors in structured populations. *Heredity* 117: 51-61

DE-MITA, S., A. C. THUILLET, L. GAY, N. AHMADI, S. MANEL et al., 2013 Detecting selection along environmental gradients: analysis of eight methods and their effectiveness for outbreeding and selfing populations. *Mol. Ecol.* 22: 1383-1399

DESTA ZA, ORTIZ R 2014 Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends Plant Sci* 19: 592-601.

EXCOFFIER, L., I. DUPANLOUP, E. HUERTA-SANCHEZ, V.C. SOUSA AND M. FOLL, 2013 Robust demographic inference from genomic and SNP data. *Plos Genetics* 9

FREEDMAN, AH, SCHWEIZER RM, ORTEGA-DEL VECHYO et al., 2016 Demographically-based evaluation of genomic regions under selection in domestic dogs. *Plos Genetics* 12: e1005851

FRICHET, E., S. D. SCHOVILLE, G. BOUCHARD, and O. FRANÇOIS, 2013 Testing for associations between loci and environmental gradients using latent factor mixed models. *Mol. Biol. Evol.* 30: 1687-1699

HAHN M.W. 2019. *Molecular Population Genetics*. Sinauer/Oxford Univ. Press. 334p.

HILL M.S. et al. 2021. Molecular and evolutionary processes generating variation in gene expression. *Nature Revs. Genetics* 22: 203-215.

KYRIAZIS C.C. et al. 2020. Strongly deleterious mutations are a primary determinant of extinction risk due to inbreeding depression. *Evol Lett* 5:37-47

KREMLING, K.A.G. et al. 2018. Cysregulation of expression correlates with rare-allele burden and fitness loss in maize. *Nature* 55: 520-523.

LANFEAR R. et al. 2014. Population size and the rate of evolution. *TREE* 29: 33-41.

LOTTERHOS, K. E., and M. C. WHITLOCK, 2014 Evaluation of demographic history and neutral parameterization on the performance of FST outlier tests. *Mol. Ecol.* 23: 2178-2192

MARQUES DA et al. 2018. A combinatorial view on speciation and adaptive radiation. *TREE* 34:531-544.

NIELSEN R, SLATKIN M, 2013 *An Introduction to Population Genetics: Theory and Applications*. Sinauer, Sunderland MA, EE-UU. 287p.

SAVOLAINEN, O. et al. (2013) Ecological genomics of local adaptation. *Nat. Rev. Genet.* 14, 807–820

STEPHAN, W. (2016) Signatures of positive selection: from selective sweeps at individual loci to subtle allele frequency changes in polygenic adaptation. *Mol. Ecol.* 25: 79-86.

TIFFIN P., J. ROSS-IBARRA, 2014 Advances and limits of using population genetics to understand local adaptation. *TREE* 29: 673-680

VERHOEVEN KJF, VONHOLDT BM, SORK VL, 2016 Epigenetics in ecology and evolution: what we know and what we need to know. *Mol Ecol* 25: 1631-1638

WANG J, STREET NR, SCOFIELD DG, INGVARSSON PK, 2016 Variation in linked selection and recombination drive genomic divergence during allopatric speciation of European and American aspens. *Mol Biol Evol* 33: 1754-1767

YEAMAN S. 2015. Local Adaptation by Alleles of Small Effect. *Am. Nat.* 186: S74-S89.

Observaciones

Favor contactar al profesor antes de inscribir el curso.