

Temario

Nombre del Taller: Análisis Bioinformático básico en genética de poblaciones y de la conservación

Fecha: De 15/04/2024 al 19/04/2024

Lugar/Sede:

Horario: de 09.00 hasta 13.00

Visión: Lograr la implementación y desarrollo por parte de los estudiantes de pipelines bioinformáticos para el análisis básico de datos genéticos y genómicos.

Misión: Encontrar y aprender a utilizar herramientas bioinformáticas para el análisis básico de diferentes marcadores genéticos

Objetivo: Introducir a los participantes en el uso y manejo de herramientas bioinformáticas básicas que les permitan responder preguntas en el campo de la genética de poblaciones y de la conservación.

Perfil de participantes de curso: El curso está dirigido a los alumnos de licenciatura (últimos semestres), maestría y doctorado que están trabajando con algún tipo de marcador molecular (SNPs o microsatélites) y/o están interesados de trabajar en el área de genética de población y de la conservación y que están interesados aprender manejo de datos bioinformático. El conocimiento y manejo de R o linux esta deseable, pero no es crucial.

Coordinación general: Dr. Alfredo Ortega Rubio y Dra. Anastasia Klimova

Instructores participantes/Institución:

Dra. Anastasia Klimova, investigadora postdoctoral CIBNOR.

Dr. Ricardo Vázquez Juárez, investigador CIBNOR

Dr. Oscar Eduardo Juárez, investigadora postdoctoral CIBNOR

Temario

Temario.

Lunes 15/04/2024

Expositor: Oscar Eduardo Juárez, Anastasia Klimova, Ricardo Vázquez Juárez

Tema: Introducción y repaso de conceptos básicos

Subtema: 1. Distintos marcadores moleculares y sus diferencias.
2. Obtención de los marcadores tipo SNPs.

Martes 16/04/2024

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Filtrado inicial de microsatélites y análisis básico

Subtema: 1. Importancia de filtrado de los datos
2. Los principales filtros en análisis de microsatélites
3. Las principales herramientas bio-informáticas para el filtrado de microsatélites
4. Análisis básicos de resumen de microsatélites.

Miércoles 17/04/2024

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Filtrado inicial de SNPs y análisis básico

Subtema: 1. Importancia de filtrado de los datos tipo SNPs
2. Los principales filtros en análisis de SNPs
3. Las principales herramientas bio-informáticas para el filtrado de SNPs
4. Análisis básicos de resumen de SNPs.

Jueves 18/04/2024

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Endogamia.

Temario

- Subtema: 1. Endogamia y su importancia.
2. Estimación de la endogamia utilizando marcadores tipo SNPs.

Viernes 19/04/2024

Expositor: Oscar Eduardo Juárez, Anastasia Klimova, Ricardo Vázquez Juárez

Tema: Dudas y repaso.

- Subtema: 1. Dudas específicas de los alumnos enfocadas a sus trabajos de tesis.
2. Repaso de los análisis.

Criterios de evaluación: Asistencia (10%), Participación (30%), Manejo de problemas bioinformáticos reales (40%), trabajo final (20%). Durante cada día del curso los participantes deberán resolver los problemas bioinformáticos de manera individual, así como cada alumno tendrá que explicar a otros participantes del curso como lo logro hacer, explicando cada paso. Al final del curso a los alumnos se le proporcionará un archivo de datos genómicos reales, donde cada alumno de manera individual tendrá que llevar a cabo limpieza de los SNPs y análisis de genética poblacional y de la conservación, tratando de llegar a una interpretación, conclusión y discusión biológica sobre de los datos.

Material de apoyo recomendado:

- Andrews, K. R., Good, J. M., Miller, M. R., Luikart, G., & Hohenlohe, P. A. (2016). Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, *17*(2), 81–92. <https://doi.org/10.1038/nrg.2015.28>
- Eaton, D. a. R., & Overcast, I. (2020). ipyrad: Interactive assembly and analysis of RADseq datasets. *Bioinformatics*, *36*(8), 2592–2594. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz966>
- Hohenlohe, P. A., Funk, W. C., & Rajora, O. P. (2020). Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*, *30*(1), 62–82. <https://doi.org/10.1111/mec.15720>
- Klimova, A., Ortega-Rubio, A., Vendrami, D. L. J., & Hoffman, J. I. (2018). Genotyping by sequencing reveals contrasting patterns of population structure, ecologically mediated divergence, and long-distance dispersal in North American palms. *Ecology and Evolution*, *8*(11), 5873–5890. <https://doi.org/10.1002/ece3.4125>
- Lou, R. N., Jacobs, A., Wilder, A. P., & Therkildsen, N. O. (2021). A beginner's guide to low-coverage whole genome sequencing for population genomics. *Molecular Ecology*, *30*(23), 5966–5993. <https://doi.org/10.1111/mec.16077>

Temario

- Nazareno, A. G., Bemmels, J. B., Dick, C. W., & Lohmann, L. G. (2017). Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species. *Molecular Ecology Resources*, 17(6), 1136–1147. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12654>
- Nazareno, A. G., & Knowles, L. L. (2021). There is no 'Rule of thumb': genomic filter settings for a small plant population to obtain unbiased gene flow estimates. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.677009>
- O'Leary, S. J., Puritz, J. B., Willis, S. C., Hollenbeck, C. M., & Portnoy, D. S. (2018). These aren't the loci you'e looking for: Principles of effective SNP filtering for molecular ecologists. *Molecular Ecology*, 27(16), 3193–3206. <https://doi.org/10.1111/mec.14792>
- Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers — just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics*, 5(1), 63–69. <https://doi.org/10.1038/nrg1249>
- Zimmerman, S. J., Aldridge, C. L., & Oyler-McCance, S. J. (2020). An empirical comparison of population genetic analyses using microsatellite and SNP data for a species of conservation concern. *BMC Genomics*, 21(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06783-9>