

## Temario

---

**Tipo de Actividad:**

Taller

**Categoría de la Actividad** (a. *Actividad Complementaria del Posgrado.*  
b. *Actividad Externa. revisar el punto VI. de los Lineamientos del PEC*)

Actividad Complementaria del Posgrado

**Responsable de la Actividad:**

Dra. Klimova Anastasia y Dr. Alfredo Ortega

**Nombre de la Actividad:**

Análisis Bioinformático básico en genética de poblaciones y de la conservación

**Modalidad:**

Presencial

**Número de participantes (Cupo):**

10

**Total de Horas:**

20 horas totales, 4 horas teóricas y 16 horas practicas

**Fecha:**

De 02 a 06 de Junio, 2025

**Nivel:**

Técnico, Licenciatura, Posgrado

**Idioma:**

Español

**Descripción de la Actividad:**

Análisis bioinformático de los datos genéticos (línea de comando). Poder convertir secuencias de ADN crudas a los gráficos que explican diversidad genética y diferenciación de una especie (línea de comando y R).

**Visión:**

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

---

## Temario

---

### 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.

### Sede/Lugar:

CIBNOR

### ¿A quién va dirigido?:

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.

### Costo de Inscripción:

0.00

### Pre-requisitos:

Saber utilizar una computadora personal. Conocimiento básico de biología y genética poblacional. Conocimiento previo a línea de comandos y R ayudará agilizar el proceso.

### Horario:

De 9 am a 13 pm

### Coordinación general de la Actividad (*Nombre/Institución*):

Dr. Alfredo Ortega, CIBNOR y Dra. Anastasia Klimova , CIBNOR

### Instructores participantes (*Nombre/Institución*):

Dra. Anastasia Klimova, CIBNOR

---

## Temario

## Temario

### **Lunes 02/06/2025**

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Introducción y repaso de conceptos básicos

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

### **Martes 03/06/2025**

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 04/06/2025**

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 05/06/2025**

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Endogamia.

## Temario

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

### **Viernes 06/06/2025**

Expositor: Anastasia Klimova

Tema: Dudas y repaso.

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

### **Evaluación/Aprobación.**

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.

### **Literatura y/o Material de apoyo.**

- 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>

## Temario

- 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>
- 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're 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>

