



Temario de curso

Adscripción	
Programa de posgrado	Acuicultura
Orientación	No aplica
Fecha de registro en el DSE	Haga clic aquí para escribir una fecha.

Información del curso		
Nombre del curso		
Marcadores moleculares microsatélites para análisis de poblaciones		
Periodo lectivo	Tipo	
Cuatrimestre III (septiembre-diciembre)	Optativo	
Cursos previos		
Conocimientos básicos en biología molecular y genética.		
Créditos	Horas de teoría	Horas de laboratorio
6	32	32
Elaborado por		
Dra. Fabiola Lafarga De la Cruz (CICESE; 3 créditos)		
Dra. Raquel Muñoz Salazar (UABC; 3 créditos)		
Aprobado en reunión de Consejo de Programa de Posgrado (CPP)		

Objetivos generales
<p>Que el alumno adquiera los conocimientos para cuantificar y evaluar la variabilidad genética de poblaciones naturales y cultivadas de organismos acuáticos, a partir del uso de marcadores moleculares tipo microsatélites (SSR: Secuencias de Repetición Simple).</p> <p>El curso se enfocará en los conceptos, métodos, problemas y aplicaciones de los marcadores moleculares tipo microsatélites de acuerdo a la pregunta de investigación en cuestión.</p> <p>Se utilizarán diferentes programas de computación para desarrollar el análisis estadístico e interpretación de datos obtenidos de los genotipos amplificados con los marcadores moleculares microsatélites generados durante el curso.</p>

Contenido temático
1. Introducción a los marcadores moleculares (4 horas)
<ul style="list-style-type: none"> 1.1. Origen de la variación genética 1.2. Diversidad génica y genotípica 1.3. Tipos de marcadores moleculares: aloenzimas, AFLP, RAPD, SNP, SSR, genes

- 1.4. Fuentes de polimorfismo, tasa de mutación
- 1.5. Artificios de amplificación
- 1.6. Detección e interpretación de bandas
- 1.7. Ventajas, desventajas y aplicaciones

Horas de teoría: 4

2. Introducción a los marcadores microsatélite (4 horas)

- 2.1. Abundancia
- 2.2. Distribución genómica
- 2.3. Tamaño de locus
- 2.4. Polimorfismo
- 2.5. Patrones de herencia
- 2.6. Aislamiento y Desarrollo
- 2.7. Clasificación de microsatélites
- 2.8. Aplicación de los microsatélites
- 2.9. Informatividad del marcador: heterocigosidad, contenido de información polimórfica, heterocigosidad media, número medio de marcadores genéticos polimórficos por ensayo y tamaño mínimo de muestras.

Horas de teoría: 4

3. Generación de una matriz de genotipos (18 horas)

- 3.1. Extracción y análisis de calidad de DNA
- 3.2. Amplificación de marcadores microsatélites por la técnica de PCR
- 3.3. Genotipificación por secuenciación, geles de poliacrilamida y electroforesis capilar de alta resolución

Horas de teoría: 2

Horas de Laboratorio: 16

4. Cuantificación de variabilidad genética (38 horas)

- 4.1. Introducción a los programas genéticos: MICRO-CHECKER, CREATE, GeneAIEx, GENEPOP, Arlequin, GenClone, GIMLET, IBD, Migrate, Structure, FSTAT, Phylip, POPULATIONS, TreeView, PhyloDraw, Bottleneck y COLONY, COLONY Extractor y PedAgree
- 4.2. Determinación de medidas de variación dentro de una población: Frecuencias alélicas y genotípicas, porcentaje de loci polimórficos, riqueza alélica, número efectivo de alelos por locus, número de alelos privados, coeficiente de endogamia, heterocigosidad observada y esperada de un locus y de una población, equilibrio de Hardy-Weinberg, endogamia, clonalidad, paternidad.
- 4.3. Medidas de Variación entre poblaciones: Homogeneidad de frecuencias alélicas. Diversidad genética total, diversidad genética media dentro de las poblaciones y diversidad genética entre poblaciones, análisis de variación molecular (AMOVA), coeficiente de diferenciación genética, flujo génico, distancias genéticas, relaciones genéticas y estructura poblacional.

Horas de teoría: 22

Horas de Laboratorio de computo: 16

Crterios y mecanismos de evaluaci3n

Actividades a evaluar:

- 2 Exámenes parciales 40%
- 3 Reportes de prácticas de laboratorio 10%
- 1 Trabajo final 30%
- Tareas 15%
- Participaci3n en clase y prácticas de laboratorio 5%

Otros requisitos

Los estudiantes deberán traer bata limpia y cabello recogido a todas las sesiones de laboratorio. Los estudiantes deberán traer computadora portátil con los programas genéticos instalados previo a las clases. Los estudiantes deberán contemplar tiempos extra-clase para asesorías y presentaci3n de trabajos finales. Dadas las limitaciones de espacio del Laboratorio de Genética en Acuicultura, el cupo del curso está limitado a 6 estudiantes como máximo con la finalidad de que puedan hacer las prácticas de forma individualizada.

Bibliografía

- Aranguren-Méndez, J. A., Román-Bravo, R., Isea, W., Villasmil, Y., & Jordana, J. (2005). Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservaci3n: una revisi3n. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 13:1-16. <https://tspace.library.utoronto.ca/bitstream/1807/7085/1/la05005.pdf>
- Arnaud-Haond, S. & Belkhir, K. (2007). GENCLONE: a computer program to analyse genotypic data, test for clonality and describe spatial clonal organization. *Molecular Ecology Notes*, 7(1), 15-17. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1471-8286.2006.01522.x/epdf>
- Avise, J. C. (2012). *Molecular markers, natural history and evolution*. Springer Science & Business Media. <http://tocs.ulb.tu-darmstadt.de/28624645.pdf>
- Avise, J. C., and Wollenberg, K. (1997). Phylogenetics and the origin of species. *Proceedings of the National Academic of Sciences of the USA* 94, 7748-7755. <http://www.pnas.org/content/94/15/7748.short>
- Beerli, P. (1997-2004). MIGRATE: documentation and program, part of LAMARC. Distributed over the Internet <http://evolution.genetics.washington.edu/lamarc.html>. Washington: Department of Genome Sciences, University of Washington.
- Beerli, P., and Felsenstein, J. (2001). Maximum likelihood estimation of a migration matrix and effective population sizes in n subpopulations by using a coalescent approach. *Proceedings of the National Academic of Sciences of the USA* 98, 4563-4568. <http://www.pnas.org/content/98/8/4563.full.pdf>
- Bohonak, A. J. (2002). IBD (isolation by distance): a program for analyses of isolation by distance. *Journal of Heredity*, 93(2), 153-154. <http://jhered.oxfordjournals.org/content/93/2/153.full.pdf+html>
- Coombs J.A., B.H. Letcher & K.H. Nislow. CREATE: Software to create input files from diploid genotypic data for 52 genetic software programs. *Molecular Ecology Resources*, 8: 578-580. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1471-8286.2007.02036.x/full>
- Coombs, J. A., Letcher, B. H., & Nislow, K. H. (2010). PedAgree: software to quantify error and assess accuracy and congruence for genetically reconstructed pedigree relationships. *Conservation Genetics Resources*, 2(1), 147-150. <http://link.springer.com/article/10.1007/s12686-010-9202-9>
- Cornuet, J. M., and Luikart, G. (1996). Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144, 2001-2014. <http://www.genetics.org/content/144/4/2001.short>
- Chauhan, T. & K. Rajiv. 2010. Molecular markers and their application in fisheries and aquaculture. *Advances in Bioscience*

- and Biotechnology, 1: 281-291. http://file.scirp.org/Html/4-7300060_2855.htm
- Chistiakov, D. A., Hellemans, B., & Volckaert, F. A. (2006). Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*, 255(1), 1-29. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0044848605007313>
- Choi, J. H., Jung, H. Y., Kim, H. S., & Cho, H. G. (2000). PhyloDraw: a phylogenetic tree drawing system. *Bioinformatics*, 16(11), 1056-1058. <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/16/11/1056.full.pdf>
- Davis, G. P., & Hetzel, D. J. (2000). Integrating molecular genetic technology with traditional approaches for genetic improvement in aquaculture species. *Aquaculture Research*, 31(1), 3-10. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1046/j.1365-2109.2000.00438.x/full>
- DeFaveri, J., Viitaniemi, H., Leder, E., & Merilä, J. (2013). Characterizing genic and nongenic molecular markers: comparison of microsatellites and SNPs. *Molecular ecology resources*, 13(3), 377-392. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1755-0998.12071/epdf>
- Excoffier, L., G. Laval & S. Schneider. 2005. ARLEQUIN ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47-50. <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.178.4115&rep=rep1&type=pdf>
- Felsenstein, J. (1981). Evolutionary tree from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *Journal Molecular Evolution* 17, 368-376.
- Felsenstein, J. (1989). PHYLIP-Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics*, 5, 164-166. <http://www.dbbm.fiocruz.br/molbiol/main.html>
- Goudet, J. 1995. FSTAT (version 2.9.3): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, 86: 485-486. <http://link.springer.com/article/10.1007/BF01734359>
- Jones, O. R., & Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular ecology resources*, 10(3), 551-555. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1755-0998.2009.02787.x/epdf>
- Hartl, D. L., Clark, A. G., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics* (Vol. 116). Sunderland: Sinauer associates. <http://www.sinauer.com/media/wysiwyg/tocs/PrinciplesPopulationGenetics.pdf>
- Langella, O. (2011). Populations 1.2. 31 CNRS UPR9034. <http://bioinformatics.org/populations/>
- Liu, Z. J., & Cordes, J. F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238(1), 1-37. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0044848604002856>
- Nei, M. (1975). *Molecular Population Genetics and Evolution*, Vol 4, Amsterdam and New York.: North-Holland.
- Oosterhout, C. V., W. F. Hutchinson, D. P. M. Wills & P. Shipley. 2004. MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4:535 - 538. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x/epdf>
- Page, R. D. (2002). Visualizing phylogenetic trees using TreeView. *Current Protocols in Bioinformatics*, 6-2. <http://bioinformatica.vil.usal.es/wp-content/uploads/2010/02/bi0602.pdf>
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539. <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/28/19/2537.full.pdf+html>
- Piry, S., Luikart, G., & Cornuet, J. M. (1999). BOTTLENECK: a program for detecting recent effective population size reductions from allele data frequencies. *Journal of Heredity*, 90, 502-503. <http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/Bottleneck/pub.html>
- Plotree, D., & Plotgram, D. (1989). PHYLIP-phylogeny inference package (version 3.2). *cladistics*, 5, 163-166.
- Raymond, M., and Rousset, F. (1995). GENEPOP (v.1.2): Population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86, 248-249. <http://jhered.oxfordjournals.org/content/86/3/248.short>
- Rousset, F. (2008). GENEPOP '007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resource* 8, 103-106. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x/full>
- Saitou, N., and Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology Evolution* 4, 406-425. <http://mbe.oxfordjournals.org/content/4/4/406.short>
- Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers—just a matter of fashion?. *Nature Reviews Genetics*, 5(1), 63-69. <http://www.nature.com/nrg/journal/v5/n1/full/nrg1249.html>
- Schneider, S., and Excoffier, L. (1999). Estimation of Past Demographic Parameters From the Distribution of Pairwise Differences When the Mutation Rates Vary Among Sites: Application to Human Mitochondrial DNA. *Genetics* 152, 1079-1089. <http://www.genetics.org/content/genetics/152/3/1079.full.pdf>

Schneider, S., Roessli, D. and Excoffier, L. (2000). ARLEQUIN: a software for population genetics data analysis, version 2000. Genetics and Biometry Laboratory, Department of Anthropology, University of Geneva, Switzerland.

Seeb, J. E., Carvalho, G., Hauser, L., Naish, K., Roberts, S., & Seeb, L. W. (2011). Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms. *Molecular Ecology Resources*, 11(s1), 1-8. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1755-0998.2010.02979.x/epdf>

Swofford, D. L. (2001). PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods) 4.0. b5.. In: Sunderland, MA: Sinauer Associates. <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.458.6867>

Valière, N. (2002). GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes*, 2(3), 377-379 <ftp://pbil.univ-lyon1.fr/pub/logiciel/gimlet/Gimlet%20paper.pdf>

Programa Genéticos (páginas web)

MICRO-CHECKER: <http://www.norwichresearchpark.com/research1/researchgroups/elsa/software/microchecker.aspx>

CREATE: <http://bcrc.bio.umass.edu/pedigreesoftware/node/2>

GeneAEx 6.5: <http://biology-assets.anu.edu.au/GenAEx/Welcome.html> ,

GENEPOP 4.5: <http://genepop.curtin.edu.au/> ; <http://kimura.univ-montp2.fr/~rousset/Genepop.htm> ;
<http://www.mybiosoftware.com/genepop-4-1-2-population-genetics-software-package.html>

Arlequin VER 3.5.2.2: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arl35Downloads.html>

GeneClone 2.0: <http://www.ccmr.ualg.pt/maree/software.php?soft=genclon>

GIMLET v1.3.3: <http://pbil.univ-lyon1.fr/software/Gimlet/gimlet%20frame1.html>

IBD v1.52: <http://www.bio.sdsu.edu/pub/andy/IBD.html>

Migrate-n 3.6: <http://popgen.sc.fsu.edu/Migrate/Migrate-n.html>

Structure 2.3.4: <http://pritchardlab.stanford.edu/structure.html>

FSTAT 2.9.3: <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>

PHYLIP 3.696: <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>

Populations 1.2.31: <http://bioinformatics.org/populations/>

TreeView: <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.etc2.html#TreeView>

FigTree: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>

PhyloDraw: <http://pearl.cs.pusan.ac.kr/phylo draw/>

Bottleneck 1.2.02: <http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/Bottleneck/bottleneck.html>

COLONY: <https://www.zsl.org/science/software/colony>

COLONY Extractor: <http://bcrc.bio.umass.edu/pedigreesoftware/node/7>

PedAgree: <http://bcrc.bio.umass.edu/pedigreesoftware/node/6>