

Informe final* del Proyecto K025
Taller internacional en genética molecular poblacional y filogenia molecular

Responsable: M en C. Irene de los Ángeles Barriga Sosa
Institución: Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa
División de Ciencias Biológicas y de la Salud
Departamento de Hidrobiología
Dirección: Av. San Rafael Atlixco # 186, Vicentina, Iztapalapa, México, DF, 09340 , México
Correo electrónico: ibs@xanum.uam.mx
Teléfono/Fax: Tel.: 5804 4770. Fax 5804 4740
Fecha de inicio: Agosto 30, 1997
Fecha de término: Octubre 10, 1997
Principales resultados: Informe final
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Barriga Sosa, I. A. 1997. Taller internacional en genética molecular poblacional y filogenia molecular. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. **Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. K025.** México D. F.

Resumen:

Existe en la actualidad un auge mundial en la utilización de macadores moléculares como herramientas de la Biología Molecular en las diversas áreas del conocimiento, esto principalmente por demostrarse que han ayudado a esclarecer de manera convincente tanto problemas biológicos como aspectos fundamentales de la ciencia. En México el uso de las diversas herramientas de la biología molecular es cada vez más extenso y su aceptación dentro de la comunidad científica es cada vez más convincente. En los últimos años se ha llevado a cabo en el país, eventos de divulgación a nivel internacional donde se ha dado ha conocer los resultados de uso de dichas herramientas, aunque estos como generalidad se han enfocado esencialmente a la divulgación y en llevar a la práctica algunas metodologías más comúnmente utilizadas. Sin embargo y hasta la fecha no se ha llevado a cabo en el país un evento en el que el investigador tenga la oportunidad de compartir con varios investigadores de envergadura la crítica y el uso de diversos programas de análisis de datos. Por lo cual, se cree conveniente la realización de un taller/foro en el que los investigadores nacionales tengan la oportunidad de intercambiar opiniones con investigadores de alto nivel nacional e internacional y en el que se lleve a la práctica el análisis de datos generados por las diversas herramientas utilizando para ello tanto programas cómputo comercialmente disponibles, como aquellos que no se encuentran comercialmente disponibles y que son generados por grupos de investigadores que tratan de resolver aspectos muy específicos.

Los objetivos de este proyectos son: 1. Conocer por medio de expertos de nivel internacional, la aplicación de los principales marcadores moleculares utilizados a nivel mundial en las áreas del conocimiento de la Biología Moderna Básica y Aplicada como lo son: Taxonomía y Filogenia, Ecología y Poblaciones, Acuicultura, Evolución etc. (ventajas y desventajas). 2. Aplicar los diversos métodos de análisis de dicha herramienta a los problemas presentados por los participantes, quienes serán asesorados por los expertos invitados.

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA-IZTAPALAPA

DEPARTAMENTO DE HIDROBIOLOGÍA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA SALUD

INFORME DE ACTIVIDADES DEL PROYECTO K025
*"TALLER INTERNACIONAL EN GENÉTICA MOLECULAR POBLACIONAL Y
FILOGENIA POBLACIONAL"*

REALIZADO EN LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA UNIDAD
IZTAPALAPA DEL 22 AL 26 DE SEPTIEMBRE DE 1997.

RESPONSABLE DEL PROYECTO

M. en c. Irene de los Angeles Barriga Sosa

INFORME DE ACTIVIDADES REALIZADAS

El programa se llevo a cabo como lo indica el Anexo 2 del Convenio Núm. FB4071K025197, con excepción de dos pequeñas variantes (el cambio en uno de los ponentes nacionales y la última actividad del evento el viernes 26 a las 9:30).

La ceremonia de inauguración fue puntual y se contó con la presencia del rector de la UAM-Iztapalapa Dr. José Luis Gázquez Mateos y del director de la División de Ciencias Biológicas y de Salud, Dr. José Luis Arredondo.

Se contó con un total de 19 participantes/asistentes provenientes de los estados de Yucatán y Baja California Norte principalmente y con gente proveniente tanto de la UNAM, como del IPN.

A continuación se detallan las actividades :

1.- Las ponencias se llevaron de acuerdo al programa del evento con excepción de un cambio en la ponencia de la Dra. Marlene de la Cruz, quien nos aviso la semana previa al evento que no podría asistir a su plática del jueves 25 de septiembre a las 9:30. Sin embargo, dicha plática fue remplazada por la de la Dra. Valeria Souza del Instituto de Ecología de la UNAM, quien de manera muy profesional acepto participar en el evento con la ponencia ¿,Quién es E. coli? Un análisis de genética de poblaciones de cepas silvestres asociadas a mamíferos silvestres". Además de que también se contó con su participación en la sesión de cómputo correspondiente (a través de la Cand. a M. en Ecoj, Claudia Silva).

Todas las ponencias fueron un éxito total, ya que el grupo de participantes fue muy heterogéneo y de igual manera los temas de las ponencias.

La actividad que se tenía planteada para el viernes 26 de septiembre a las 9:30 horas fue sustituida por una *mesa de discusión*, que también resulto todo un éxito, esto porque se tuvo la oportunidad de abrir el foro a las opiniones, críticas y puntos de vista tanto de los ponentes extranjeros invitados como de todos los asistentes al taller. De dicha discusión surgieron las siguientes ideas:

a) El realizar dicho evento de manera anual ya que se observó, existe la necesidad por parte de los participantes/asistentes de contar a nivel nacional con la oportunidad de exponer sus resultados al análisis crítico de especialistas en estas áreas,

b) Abrir dicho evento a un mayor número de participantes/asistentes y por lo tanto traer un mayor número de especialistas, ya que también se observó, existe la infraestructura en la Institución (servicios de cómputo), para hacer el taller más extensivo,

c) Como resultado del anterior, surgió la idea de que el evento se realice en un periodo más amplio de tiempo (2 semanas).

d) Un punto que se enfatizó constantemente fue el reconocimiento y agradecimiento de los participantes/asistentes hacia los ponentes tanto a los nacionales como a los internacionales, ya que estos últimos estuvieron todo el tiempo interesados e involucrados totalmente en el evento y trataron siempre de ayudar a los participantes, aspecto que según el comentario de los participantes/asistentes no es común en muchos investigadores que atienden a eventos de esta naturaleza. Por lo que de manera muy particular quedamos muy agradecidos con la CONABIO por tan acertado apoyo.

2.- Con relación a las sesiones de cómputo, estas también fueron un éxito, ya que la universidad cuenta con un excelente equipo de cómputo y la disponibilidad de los ponentes hacia los participantes fue total.

Durante el primer día de cómputo (martes 23 de septiembre), además de darse una revisión general de las siguientes paqueterías, se analizó principalmente a los programas Phylip y PAUP:

PROGRAMAS DE ALINEACIÓN Y EDICIÓN

Fasta [Pearson, William R. (1990). "Rapid and Sensitive Comparison with FASTP and FASTA". *Methods in Enzymology* 183: 63-98], el cual es un paquete de programas de alineación de nucleótidos y proteínas, escrito en lenguaje de programación C y que puede ser corrido en microcomputadoras PC que manejen el sistema operativo DOS, en Macintosh o en sistemas Unix. Dicho paquete contiene los siguientes programas: **a) Fasta**, que compara dos secuencias de proteínas o dos secuencias de DNA, o una secuencias de proteínas a una base de datos de proteínas o de DNA a una base de datos de DNA ; **b) TFasta**, compara una secuencias de proteínas a una de DNA o a una base de datos de DNA, transcribiendo la secuencia de DNA en sus seis marcos de lectura, mientras que la secuencia de proteínas es comparada en cada una de las seis secuencias de proteínas derivadas ; **c) LFasta**, compara dos secuencias a regiones identificadas con secuencias similares ; **d) PLFasta**, es idéntica a la anterior, solo que gráfica una matriz de las regiones similares, en lugar de la alineación de secuencias ; y **e) RDF2**, evalúa la significancia de las similitudes por pares utilizando el análisis Monte Carlo.

ESEE [Cabot Eric (1990). "The Eyeball Sequence Editor Program version 2.00"], el cual es un programa editor de secuencias múltiples, especialmente diseñado para editar y manipular la presentación de secuencias de ácidos nucleicos y aminoácidos tratando a estas siempre como entidades independientes. ESEE es un programa que puede ser adquirido directamente del autor y que se corre en sistemas PC.

PROGRAMAS DE ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Phylip 3.57c [Felsenstein Joseph (1995). "Phylogeny Inference Package"], es uno de los primeros paquetes de análisis filogenético que salieron al mercado y que incluyen programas para: a) el análisis de datos de secuencias, como el **PROTPARS** (parsimonia para proteínas), **DNAMOVE** (parsimonia interactiva de DNA; **DNADIST** (*distancias estimadas de secuencias de DNA*), entre otros; b) programas para matrices de distancia, como el FITCH (métodos de Fitch-Margoliash y least squares), el NEIGHBOR (métodos de Neighbor-joining y UPGMA) entre otros , c) programas para el análisis de frecuencias genicas y caracteres continuos ; d) análisis de diversidad genética y programas generadores de arboles filogenéticos.

El Phylip es un paquete de *programas que* requiere un tipo de datos en formato Fasta. Y que se puede bajar de la red via e-mail como "anonymous ftp", existiendo versiones para PCDOS, 386 PCDOS, 386 Windows y Macintosh.

PAUP 3.0s[Swofford, David L. (1991). "PAUP: Phylogentic Analysis Using Parsimony, Version 3.6s". Computer program distributed by the Illinois Natural History Survey, Champaign, Illinois.]. Es un programa que infiere filogenias a partir de

caracteres discretos bajo el principio de máxima parsimonia. También incluye análisis de matrices de distancia, análisis de distancia genética, de diversidad genética y de parsimonia. Este programa es más reciente que el anterior y mucho más amigable, ya que se maneja en el sistema Macintosh y los datos son aceptados de cualquier sistema editor.

Posteriormente, el día miércoles 24 de septiembre fue dedicado al programa GenePop y el jueves 25 de septiembre al programa exclusivo de análisis para sistemas haploides

PROGRAMAS DE ANÁLISIS POBLACIONAL MOLECULAR

GenePop versión 3.1 Es la versión reciente (abril de 1997) de la descrita en Raymond M. & Rousset F., 1995. GenePop (version 1.2) : Population genetics software for exact test and ecumenicism. J. Heredity, 86 :248 :249. Versión que se puede obtener vía internet de manera gratuita. Dicho programa realiza : a) test exactos para el equilibrio de H-W, diferenciación de poblaciones y para el desequilibrio genotípico entre pares de loci ; b) estima los clásicos parámetros poblacionales, como el Fst y otras correlaciones, frecuencias alélicas, etc. ; c) convierte el archivo input GenePop a formatos utilizados por otros programas (ejem., Biosys, Fstat y Lindos, entre otros. GenePop se corre en sistemas PC.

ETDIV y ETCLUS; [Whittam, Thomas, S. (1990). Department of Biology Pennsylvania State University] y L DV [Toa i T. Nguyen (1991). Es un paquete de programas generado para analizar diversidad genética y establecer relaciones entre

líneas bacterianas caracterizadas por enzimas multilocus. Por ejemplo, ETDIV, encuentra y enumera los tipos electroforéticos en una colección de aislados bacterianos con perfiles enzimáticos multilocus, además de estimar la distancia como una proporción de diferencias en loci entre pares de muestras; ETCLUS, utiliza el archivo generado por ETDIV (ETLIST. DAT) y lo analiza para encontrar un dendograma basado en un algoritmo promedio de equilibrio. Finalmente LDV [Toai T. Nguyen (1991)], estima la varianza del desequilibrio de cruzamiento a partir de la varianza observada por las diferencias observadas para cada grupo de datos, utilizando un muestreo aleatorio sin reemplazamiento por medio de la simulación Monte-Carlo.

3.- De la realización del evento podemos concluir que éste fue todo un éxito, sin embargo se hacen las siguientes observaciones : que la sección de cómputo podría enriquecer más a los participantes si estos en realidad utilizaran sus propios datos ya que aunque aseguraron en su mayoría que los utilizarían en la sesión de práctica la mayoría de ellos no lo hicieron, por lo que se trabajó con datos que "prestamos" para ejercicio los organizadores y ponentes del evento.

4.- Se anexa el programa del evento con los resúmenes de las pláticas de los ponentes