

Curso “Biología de la Conservación de Cérvidos Neotropicales” Práctico (2024)



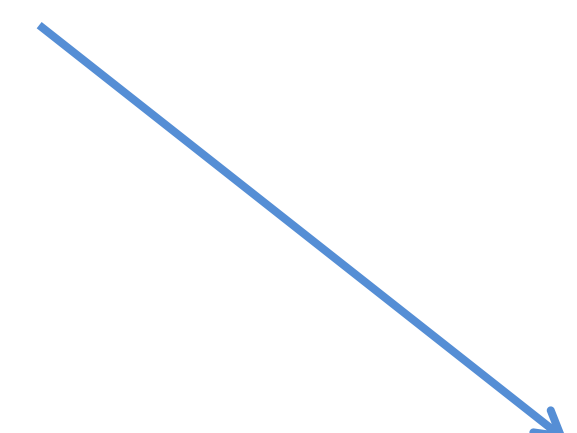
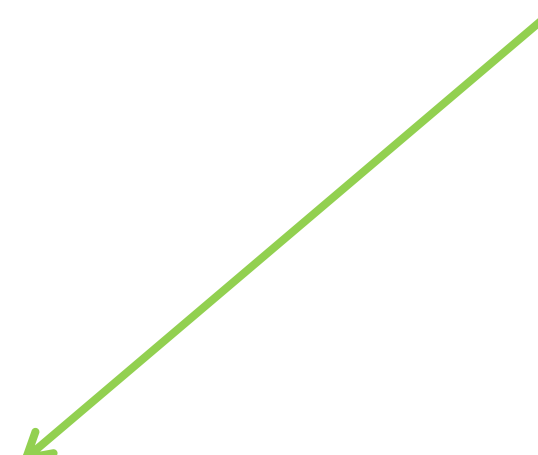
Diversidad Genética y Marcadores Moleculares



Dra. Verónica Gutiérrez

Departamento de Biodiversidad y Genética

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC



Diversidad de ecosistemas:
Variación en los tipos de hábitats



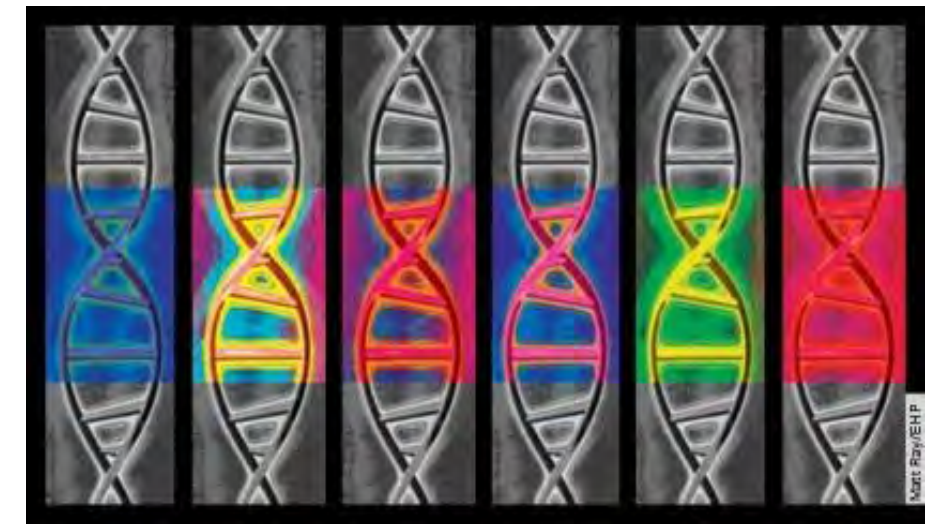
**Diversidad de especies
(o taxonómica):**

*Variedad de especies en un ecosistema,
como se adaptan, conviven, se
reproducen y sobreviven*



Diversidad genética:

*Variación de la información
genética entre individuos de una
misma especie*



Diversidad genética

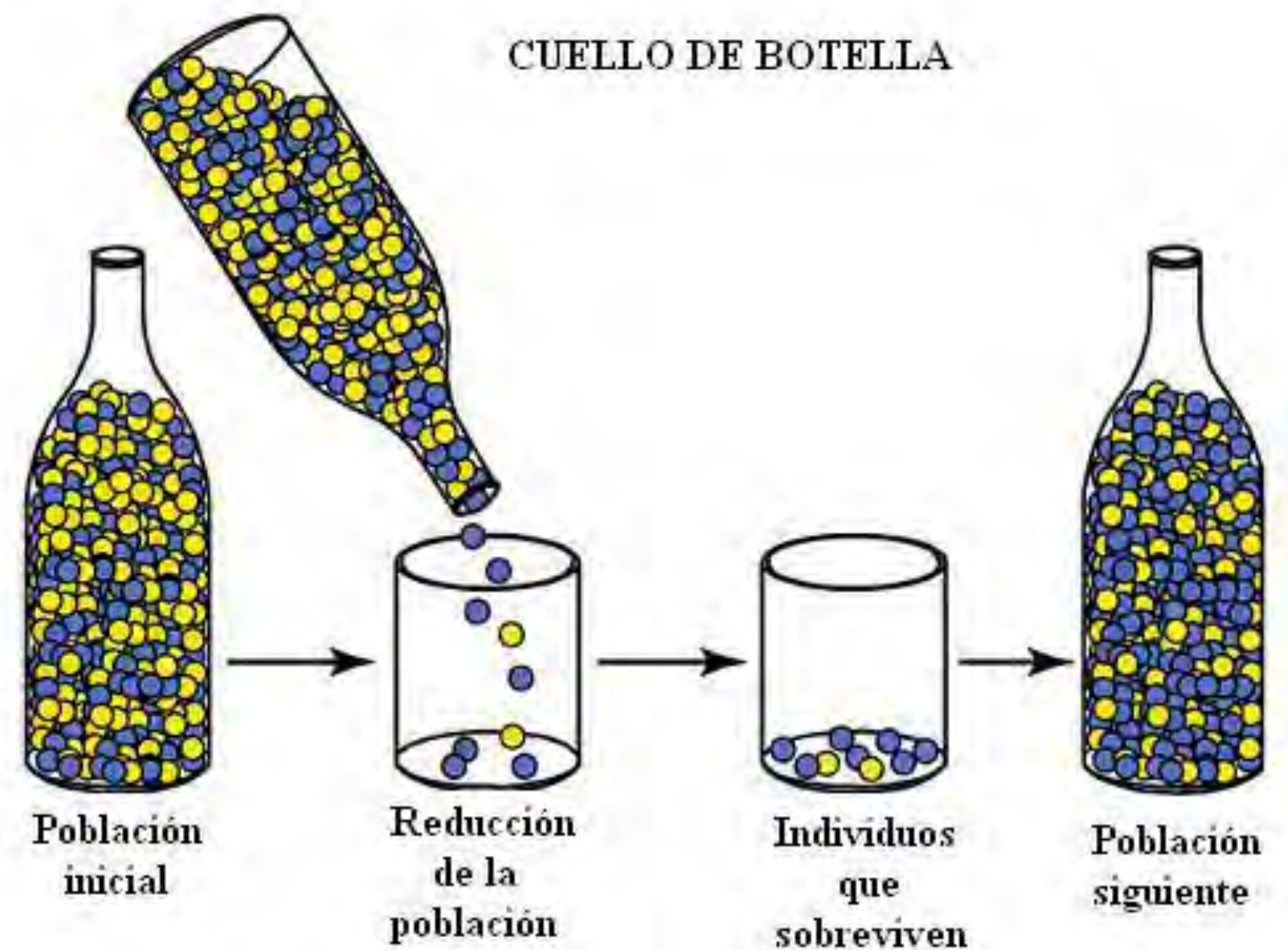
Variación de la información genética entre individuos de una misma especie

Disminuye DG cuando hay un “cuello de botella”:

Disminuye sustancialmente el tamaño de las poblaciones →

Aumenta la reproducción entre organismos emparentados

(consanguinidad).



Venado de campo



Población de venado de campo en Arerunguá (Salto)

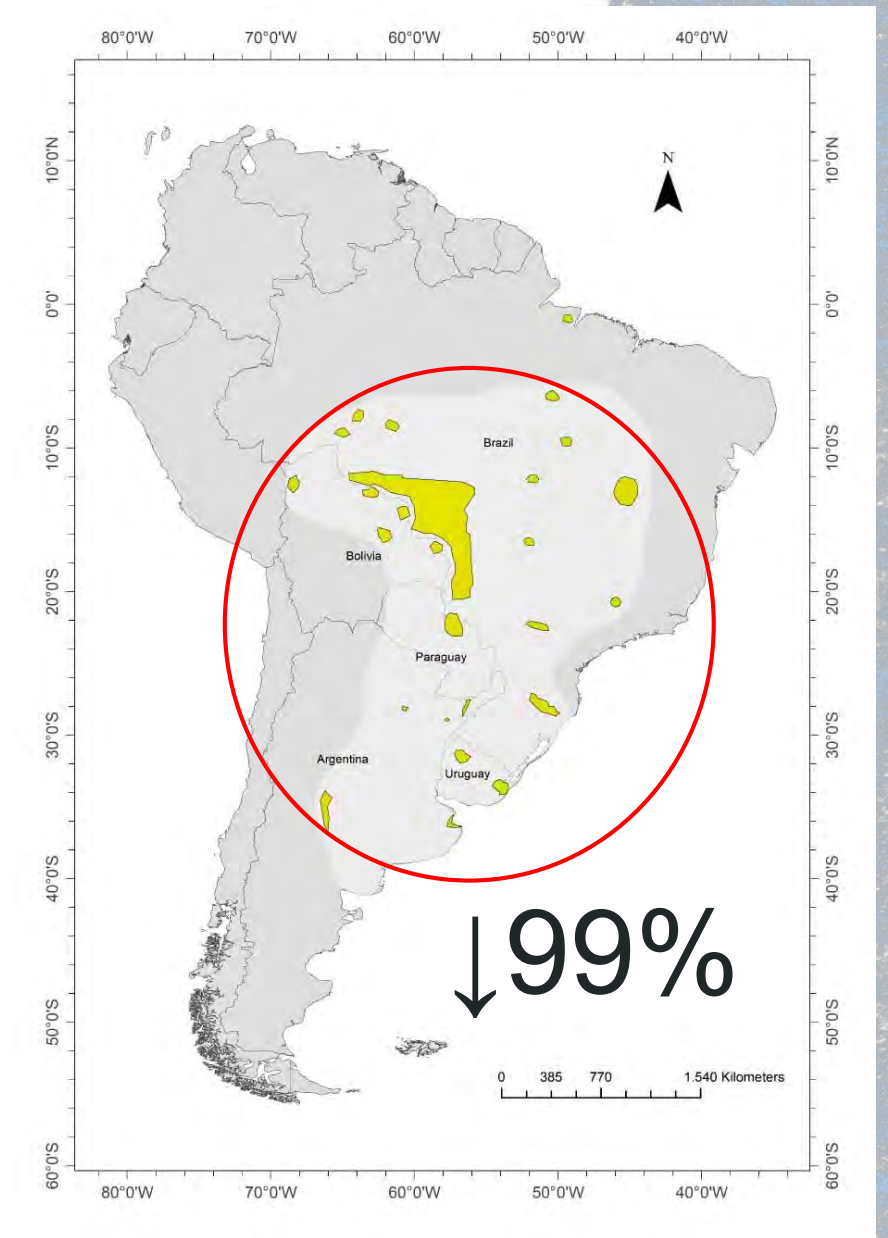


Población de venado de campo en ECFA (Maldonado)

Venado de campo

Actualmente

Aprox. 100 años atrás



↑ riesgo de extinción

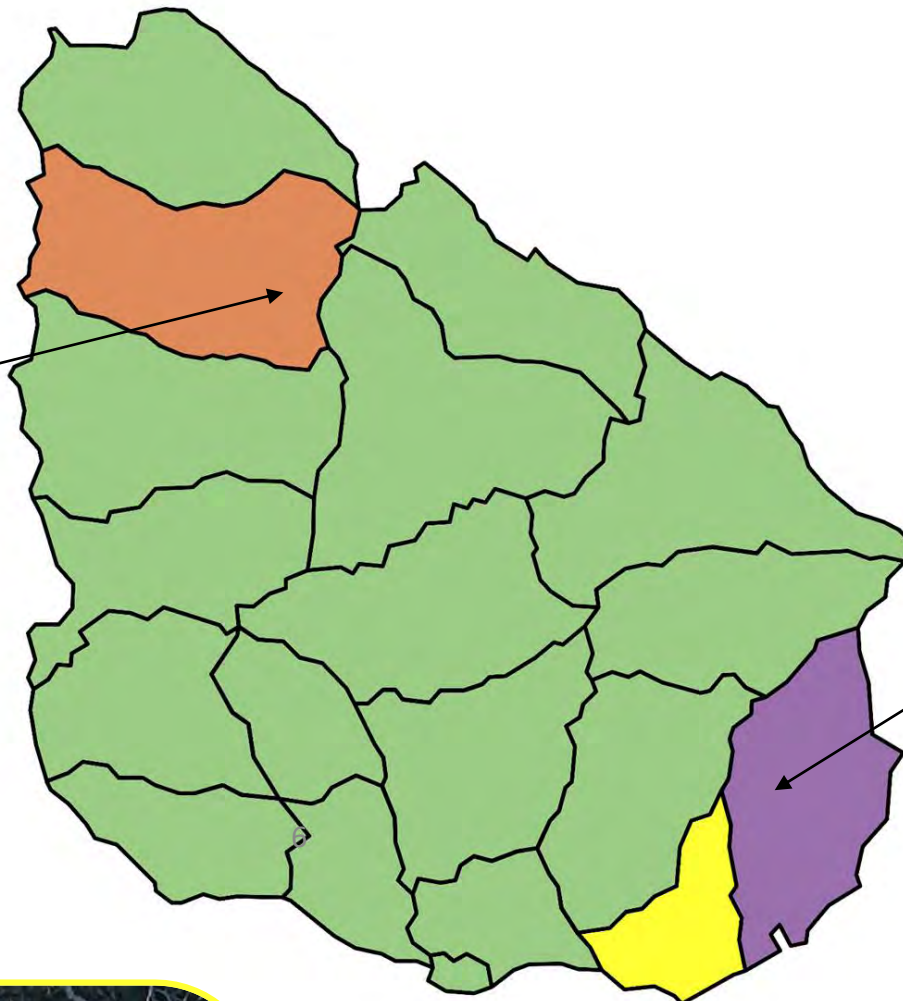
Poblaciones actuales en Uruguay



Población silvestre
O. b. arerunguaensis
(Arerunguá, Salto)
120 km²
~2000 individuos



Población en cautiverio
de *O. b. arerunguaensis*
(ECFA, Maldonado)
~ 150 individuos



Población silvestre
O. b. uruguayensis
(Sierra Los Ajos, Rocha)
15km²
~300 individuos

Aprox. **2500**
ejemplares,
2 subespecies
(González *et al.*, 2002)

Venado de campo



Población de venado de campo en Arerunguá (Salto)

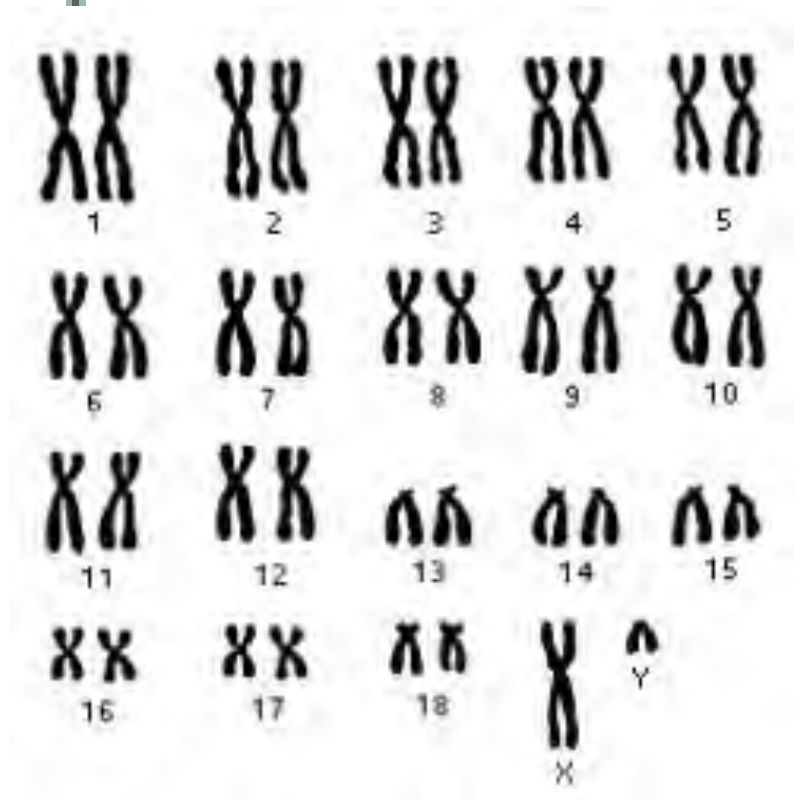
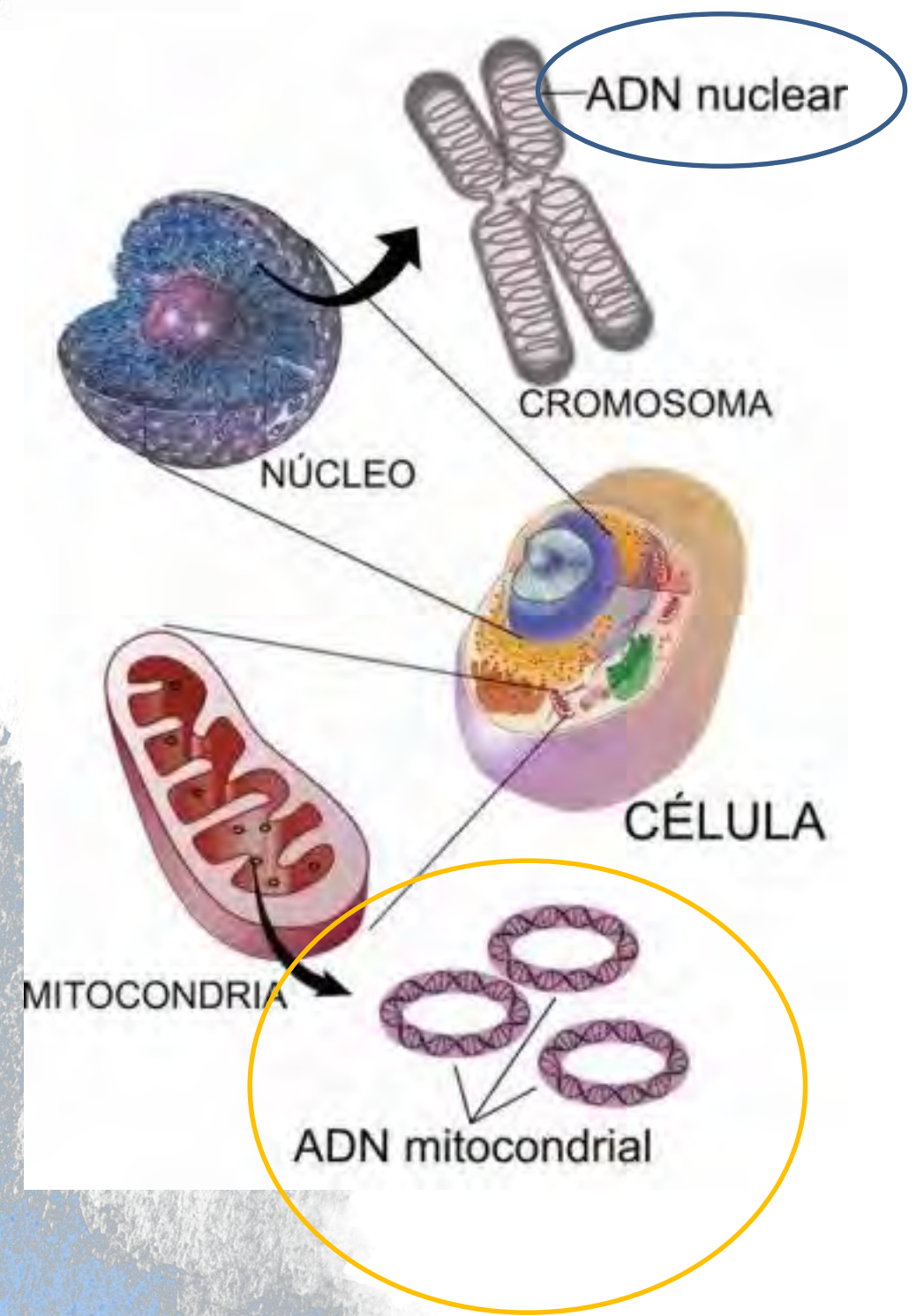


Población de venado de campo en ECFA (Maldonado)

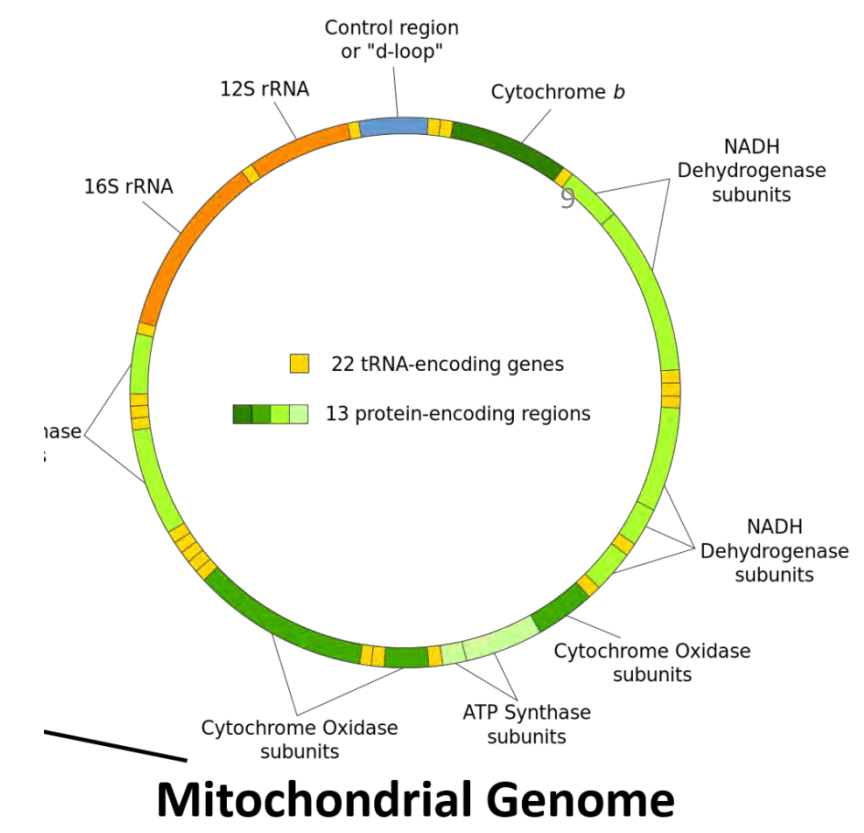
¿Hay Diversidad Genética?



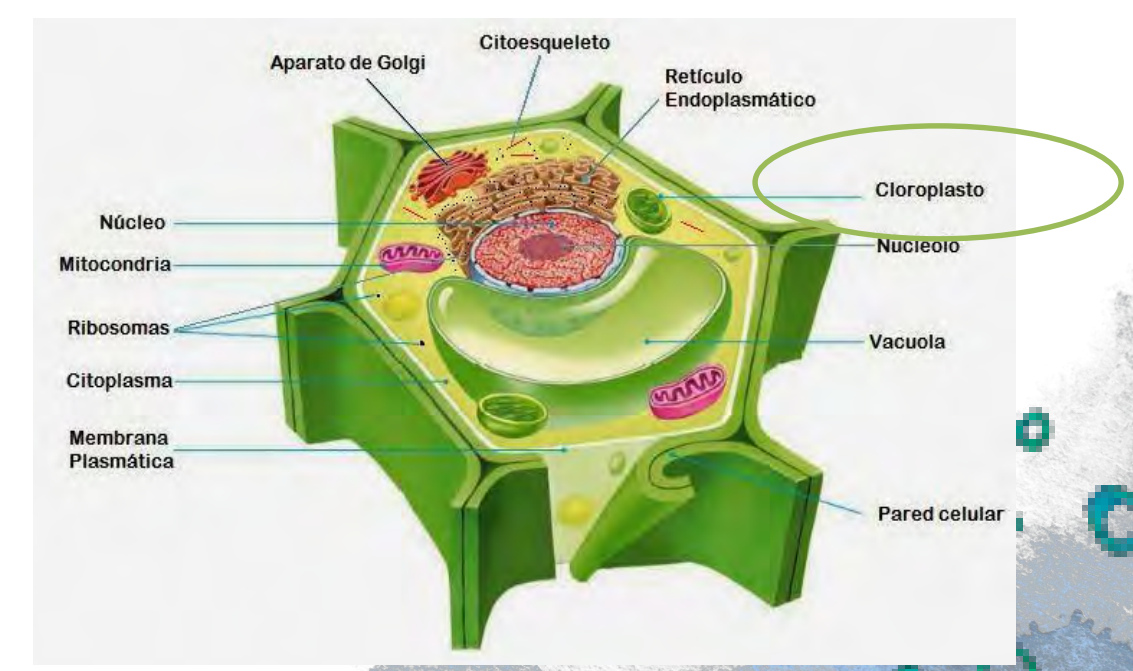
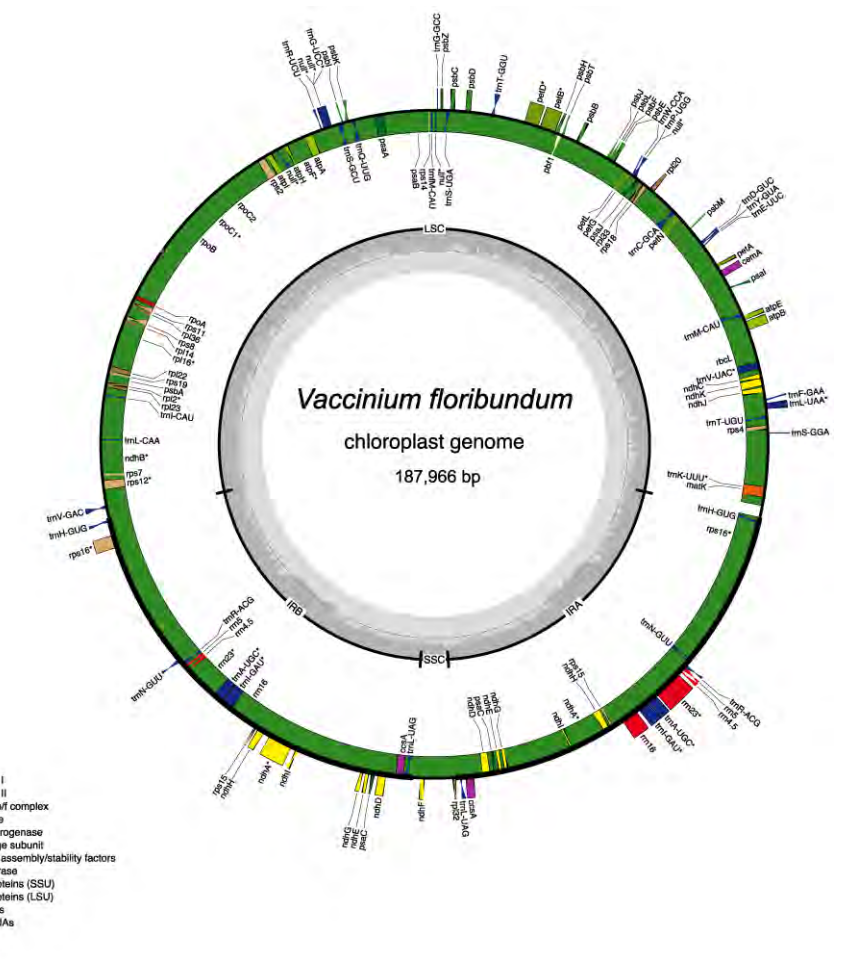
¿Cómo se puede
medir la Diversidad
genética?

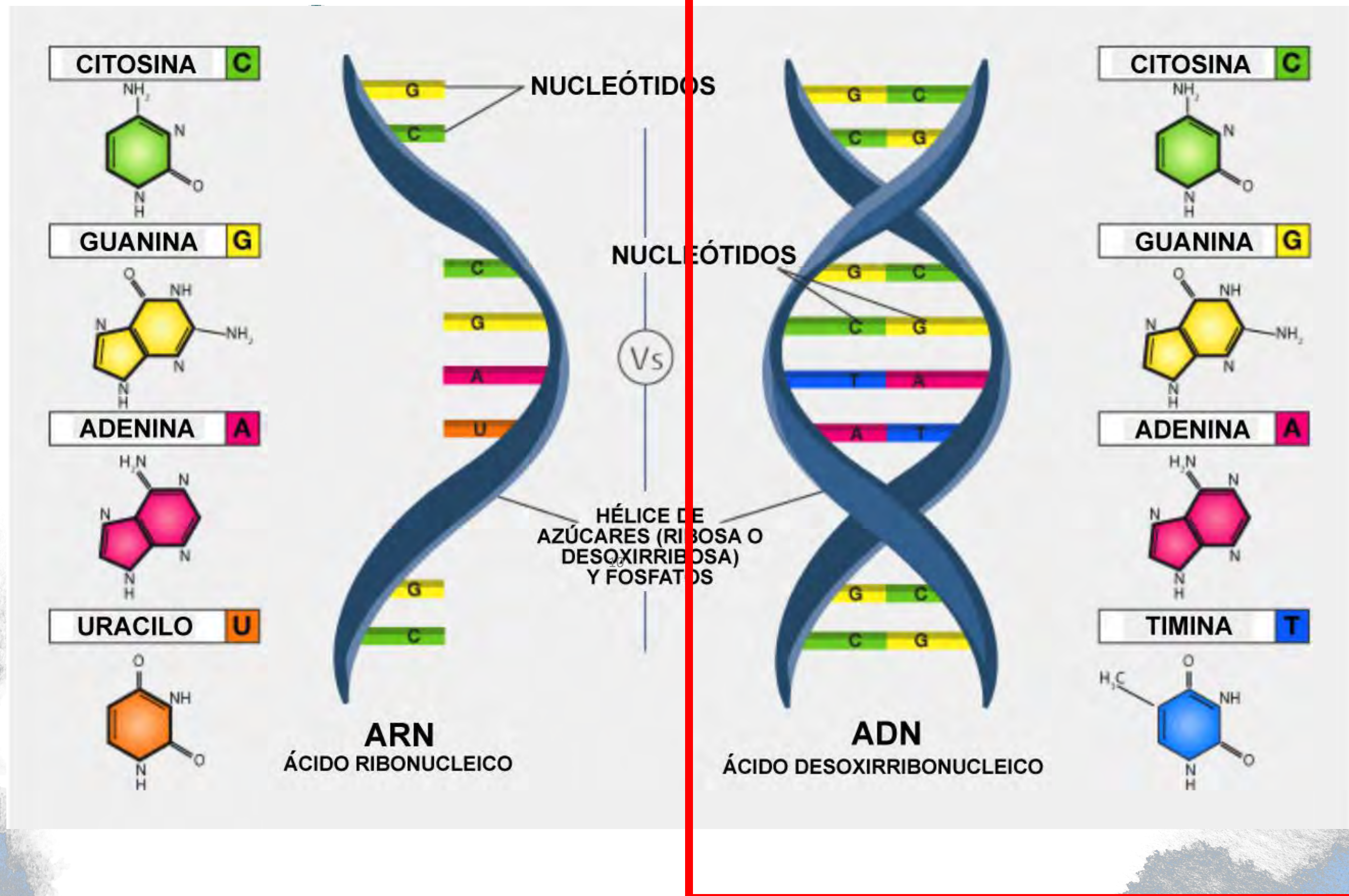


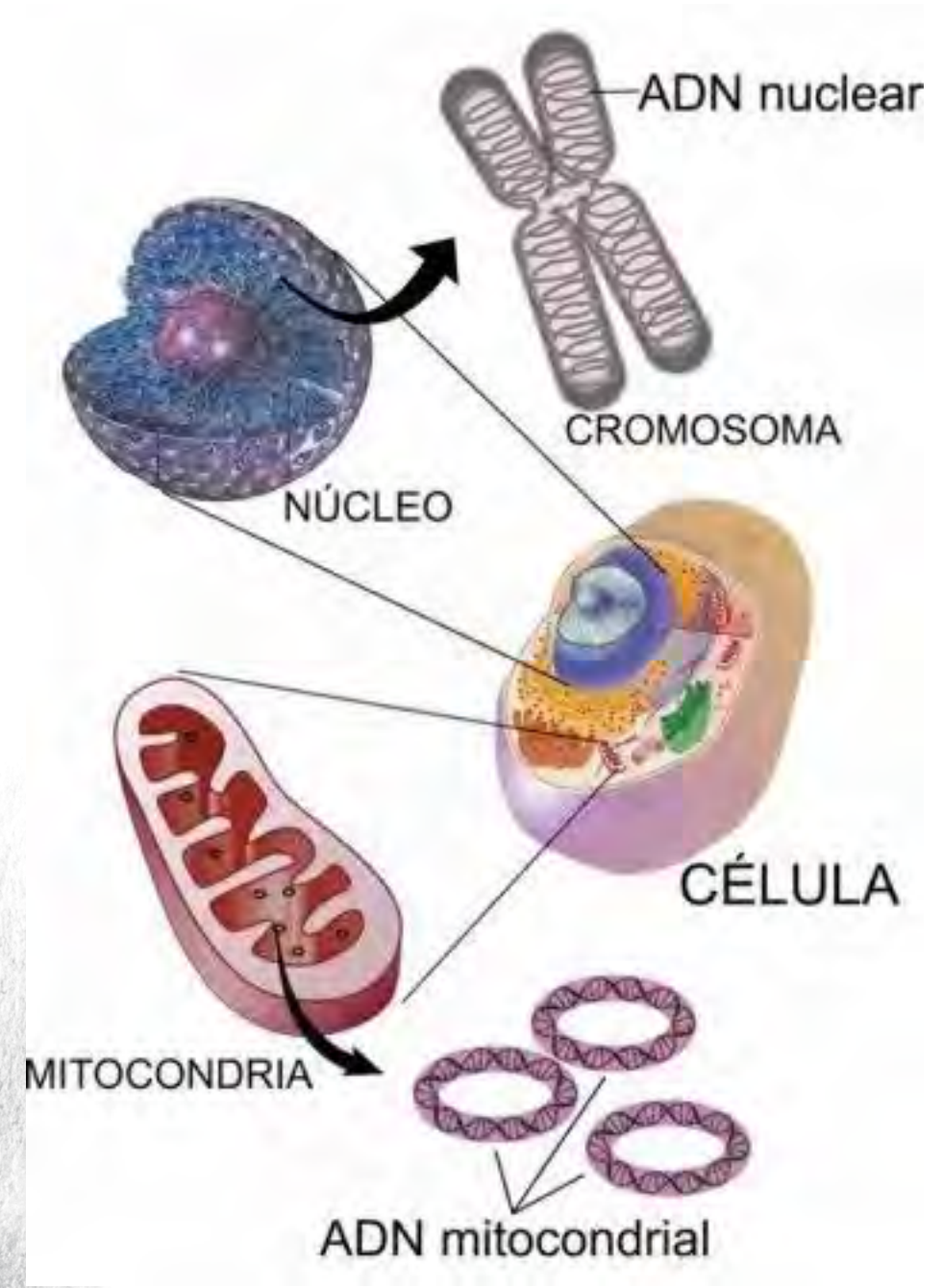
Cariotipo humano



Mitochondrial Genome









¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

➤ Marcadores moleculares

- Segmentos de ADN con una **ubicación física identificable** en el genoma.
- El fragmento de ADN debe mostrar una **variación experimentalmente detectable** entre los individuos de la población.

12





¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

➤ Marcadores moleculares

Un marcador IDEAL debe ser.

- Altamente variable dentro y entre especies.
- Heredable.
- De rápida identificación y simple análisis.

13





¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

➤ Marcadores moleculares



Verónica, Claudia y Eugenia en el laboratorio
(Foto: M. Casacuberta)

Técnicas de biología molecular:

Permiten obtener muchos marcadores moleculares para detectar **variabilidad** en casi todo el genoma de un organismo:

- La reacción en cadena de la polimerasa (PCR)
- Las enzimas de restricción
- Las sondas marcadas / hibridizaciones

14

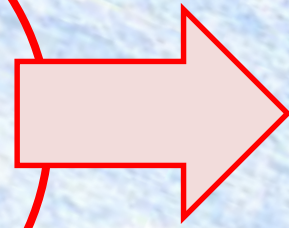
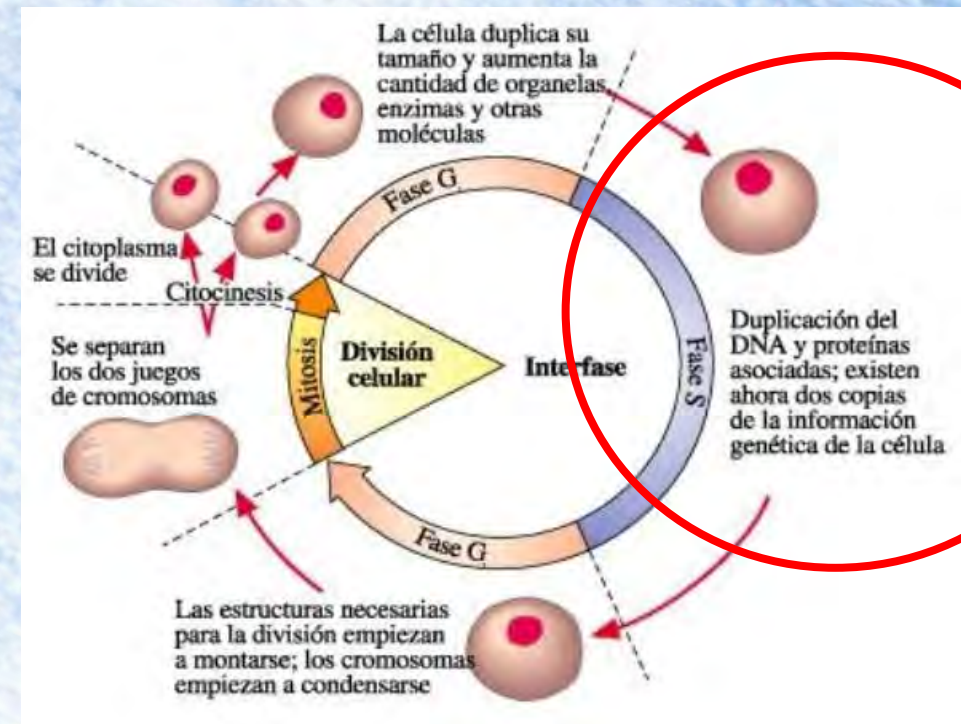
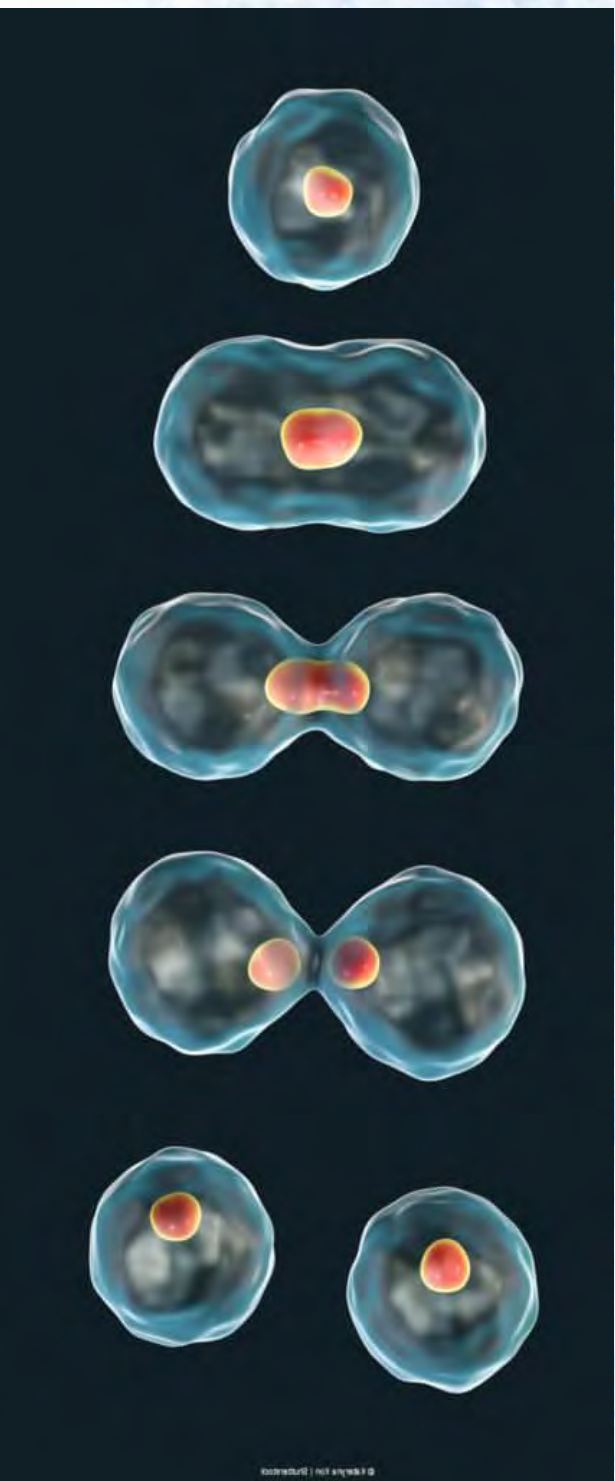


Extracción de ADN

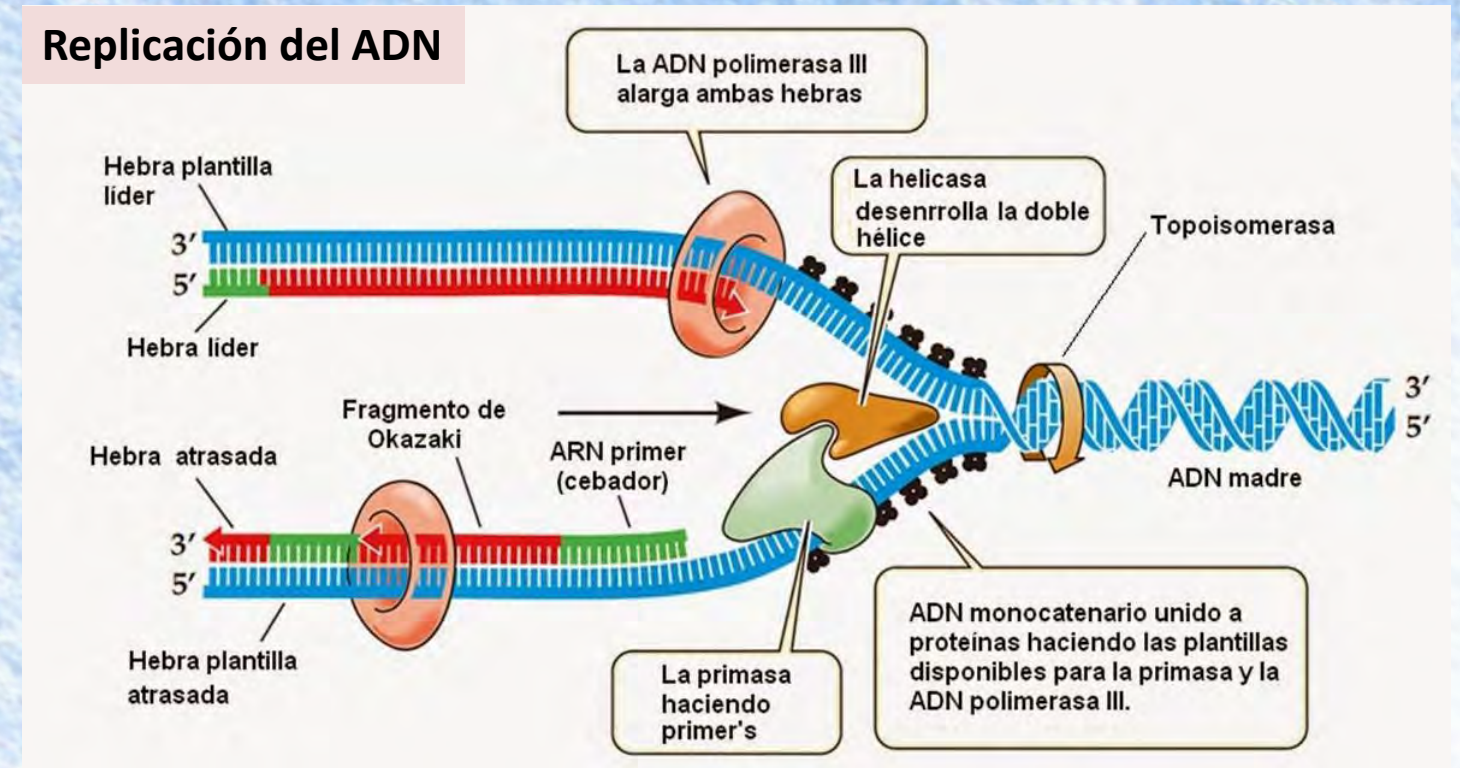


¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)



15

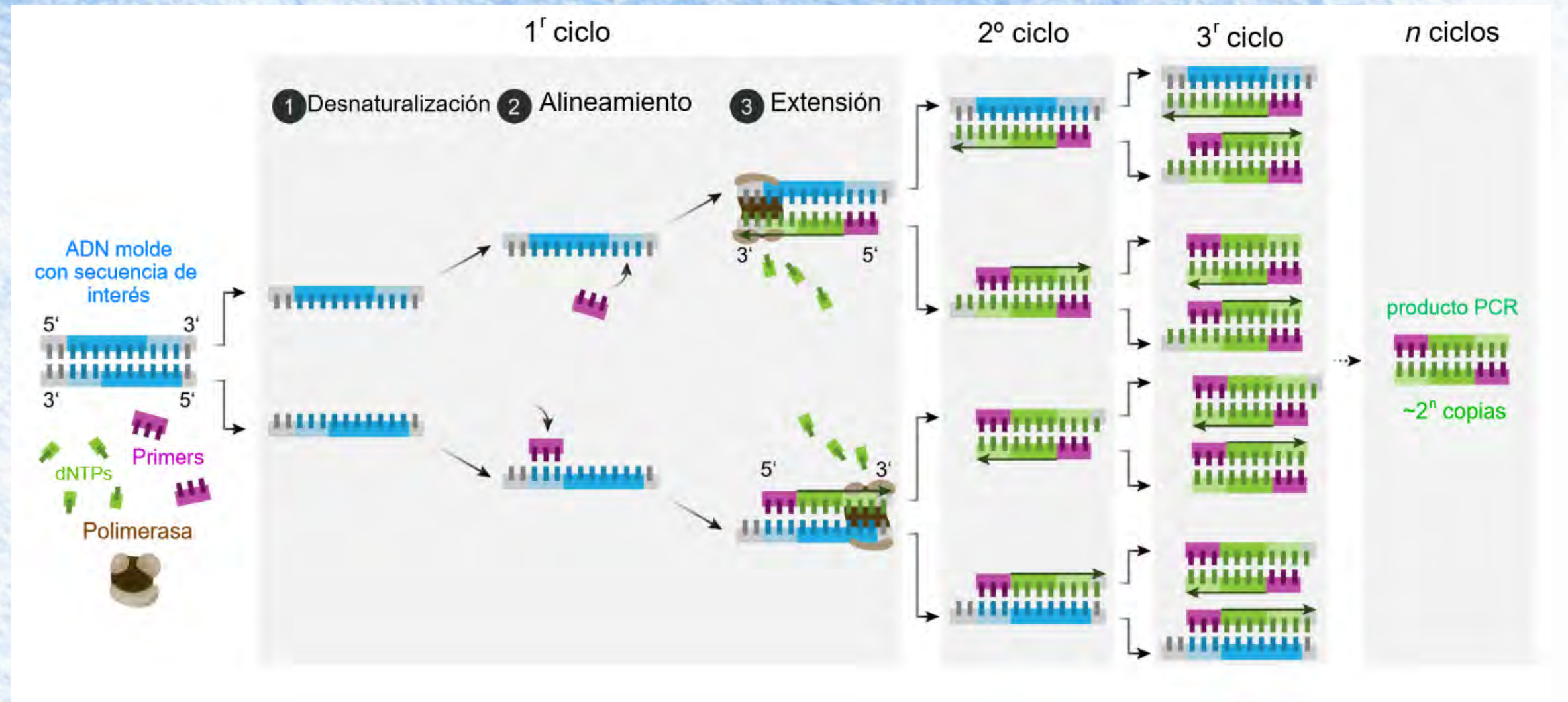
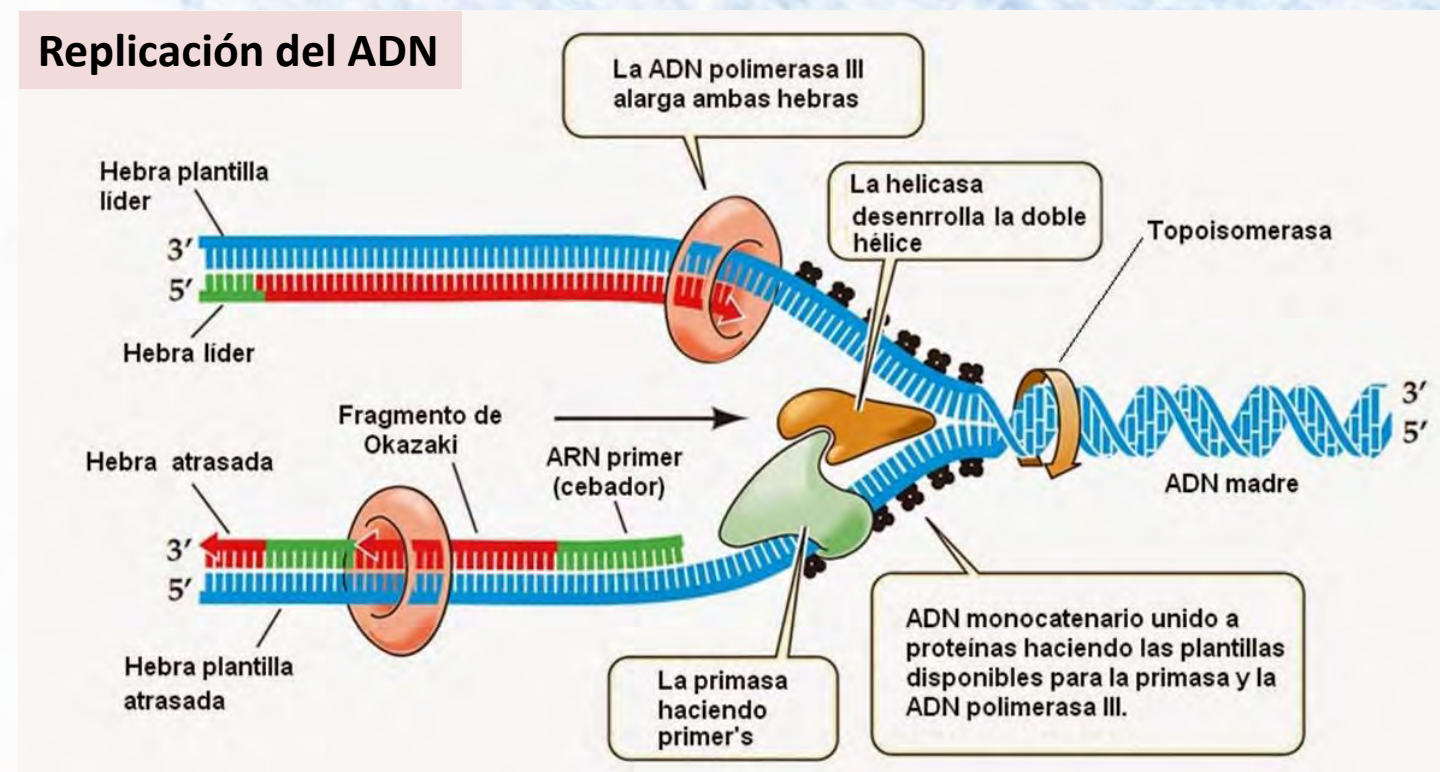




¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

Síntesis enzimática de millones de copias de un segmento específico de ADN.



Se obtienen 2ⁿ moléculas de producto amplificado

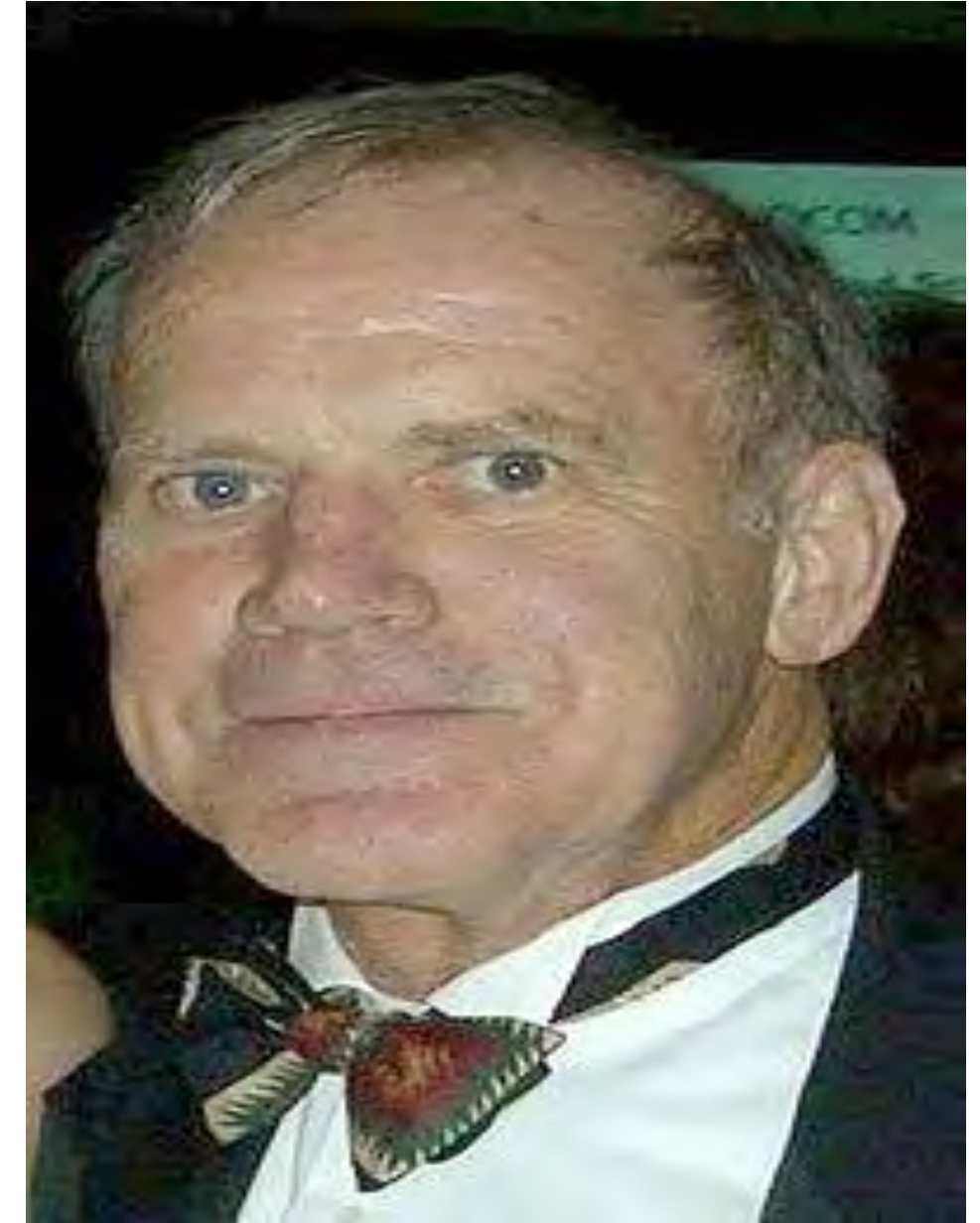
Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

- **PCR “Polimerase Chain Reaction”**
- Desarrollada por **Kary Mullis (1986)**
1993: Premio Nobel de Química
- Permite obtener **muchas copias** de una región elegida dentro de una molécula de ADN



AMPLIFICACIÓN

- Permite el copiado *in vitro* de ADN

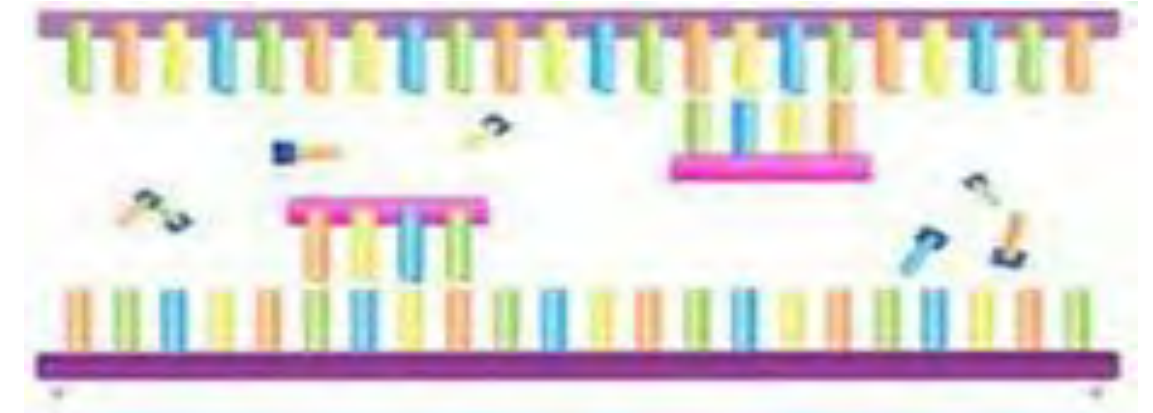


REACTIVOS necesarios

- Agua libre de nucleasas (DNAsas y RNAsas)
- Solución amortiguadora (buffer): mantiene el pH óptimo para que actúe la enzima
- Cation divalente ($MgCl_2$): magnesio (Mg^{2+}) estimulan a la enzima Taq polimerasa para que incorpore los dNTPs
- 4 Desoxirribonucleótidos (dNTPs): **dATP** / **dTTP** / **dGTP** / **dCTP**: proveen los nucleótidos (base + azúcar + fosfato).
- **2 Oligonucleótidos (cebadores o “primers”)**
- Enzima DNA polimerasa (*Taq DNA polimerasa*)
*“1969: aislada de la bacteria *Thermus aquaticus* en un manantial del parque nacional de Yellowstone”*
- **ADN molde**
 - $\leq 100ng$ ADN.
 - Pureza (Abs_{260}/Abs_{280}) $\geq 1,7$



Cebadores



- Secuencias cortas de ADN (**18-25pb**) diferentes entre sí.
- Secuencias **complementarias** a los sitios de reconocimiento que **flanquean** el fragmento a amplificar.
- Forward (5' - 3') Reverse (3' - 5')
- **Temperatura de hibridación $T_m = 2(A+T) + 4(G+C)$** : 50–63°C.
- *La diferencia de temperatura entre los dos primers $\leq 4^\circ\text{C}$.*
- **Contenido en GC%**: aprox. 60% (40-80%) debido a que afecta la estabilidad del amplicón.
- **Complementariedad**: no pueden formar estructuras secundarias.

Mezcla (mix) para una reacción estándar:

	Concentración INICIAL (stock)	Concentración FINAL
H ₂ O	-	-
* Sol. amortiguadora (buffer)	10X	1X
* MgCl ₂	50 mM	1,5 – 2,5 mM
Sol. con los 4 dNTPs	10 mM (cada uno)	0,25 mM (cada uno)
Oligonucleótidos (primers): F y R	10 μM	0,5 μM
* <i>Taq</i> DNA polimerasa	3-5 U/μl	0,05-1,25 U/ reacción
ADN (molde)	?	≤100 ng

* Vienen en un mismo kit comercial.

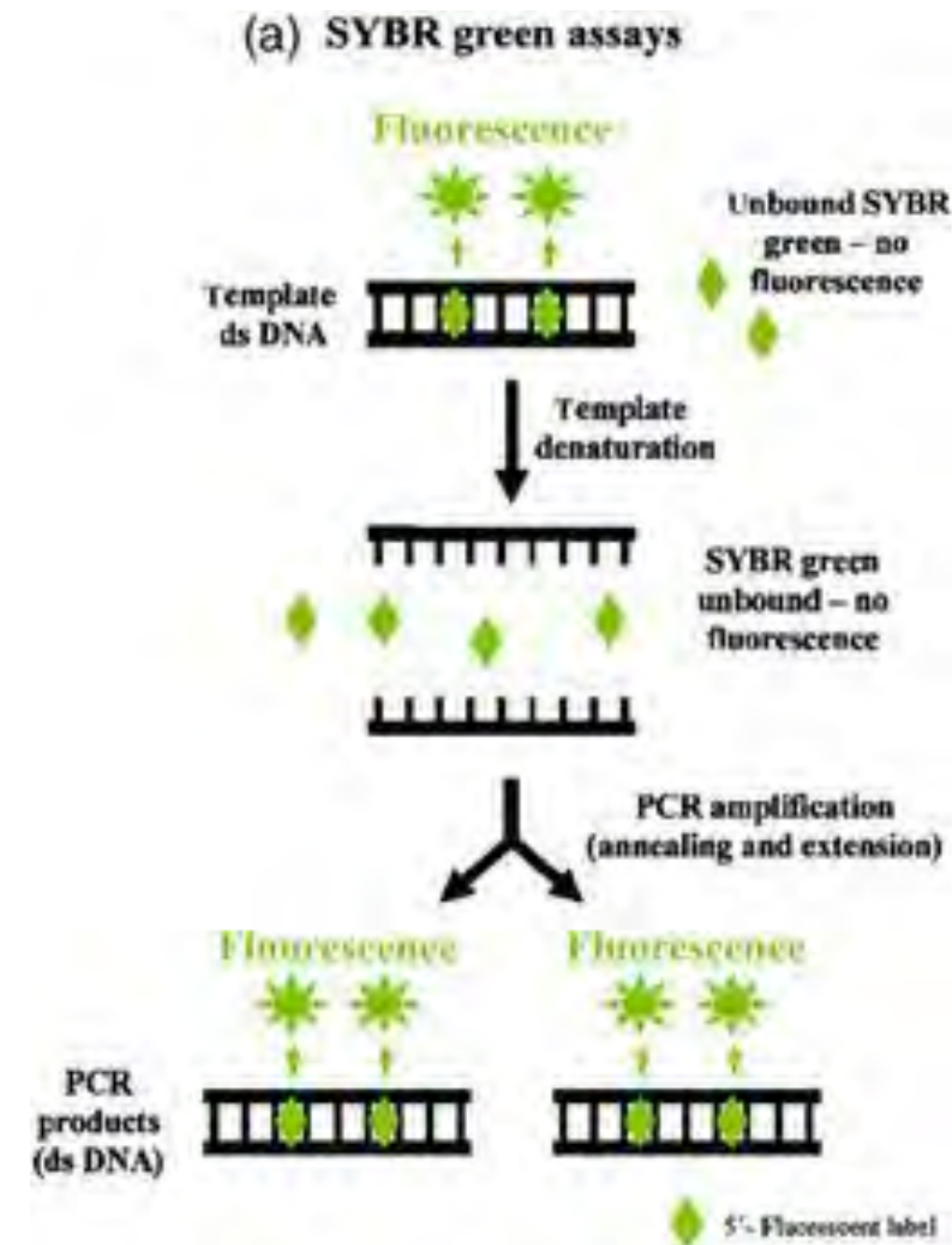


Real-time PCR (“Q-PCR”)

- La **cantidad de producto formado** se controla durante el curso de la **reacción** mediante la fluorescencia emitida por los fluorocromos introducidos en la reacción:

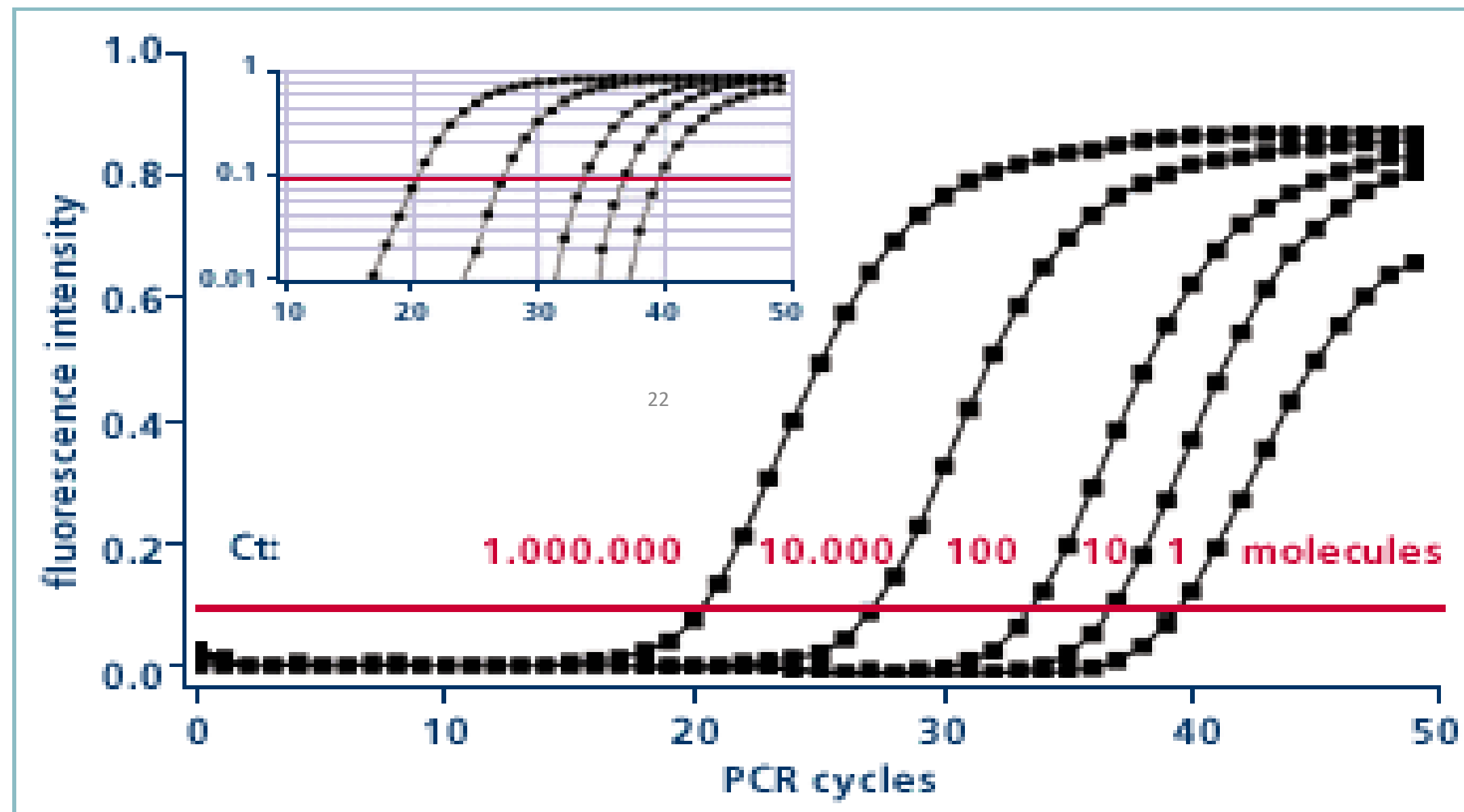
– **Fluorocromos inespecíficos** (por ej. **SYBR Green**): es un agente intercalante que se une al **surco menor del ADN dc**, pero no al monocatenario.

– **Sondas específicas** que usan, al menos, 1 primer marcado.



Real-time PCR ("Q-PCR")

- La intensidad de la fluorescencia es proporcional a la cantidad de producto formado.

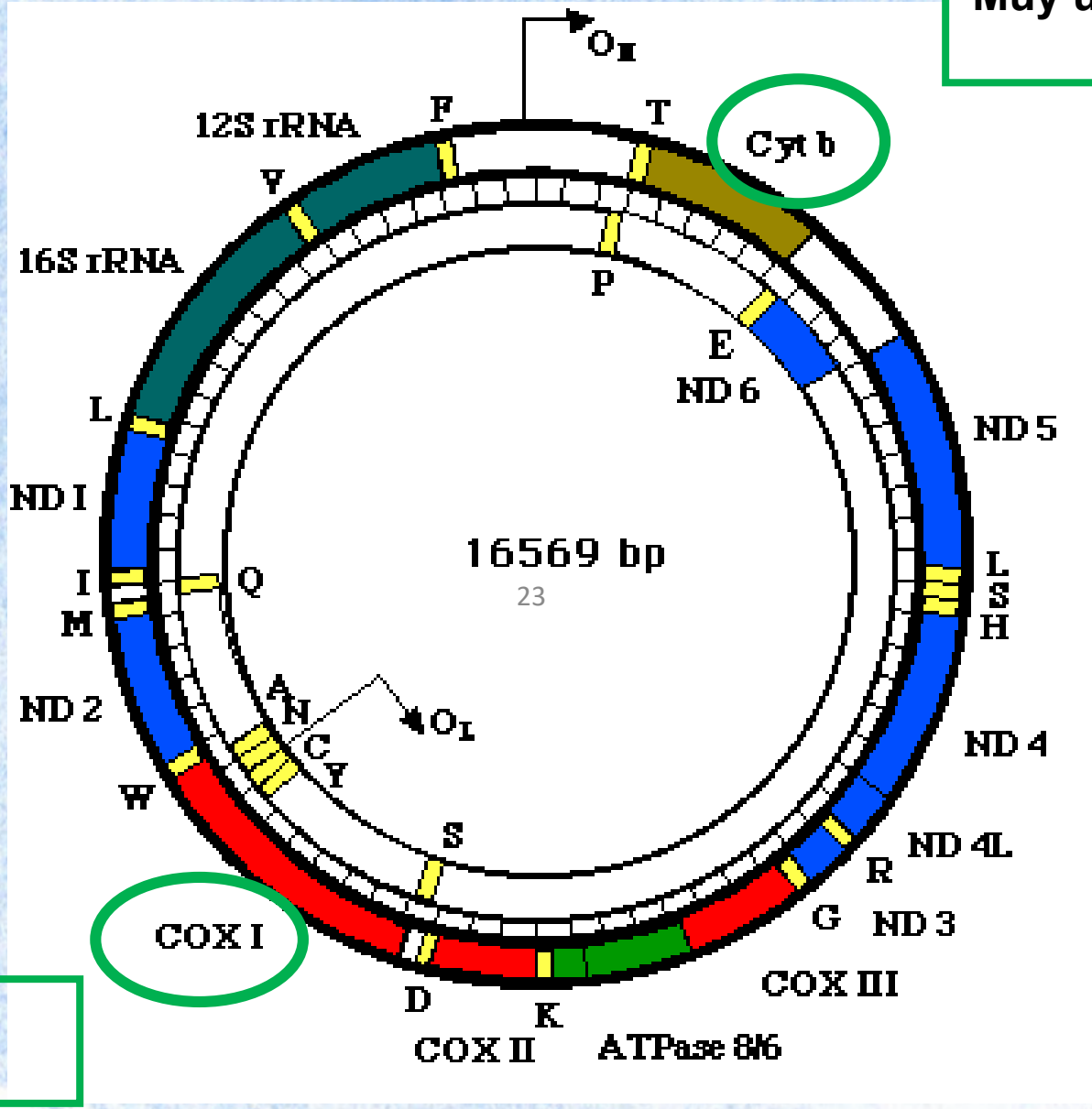




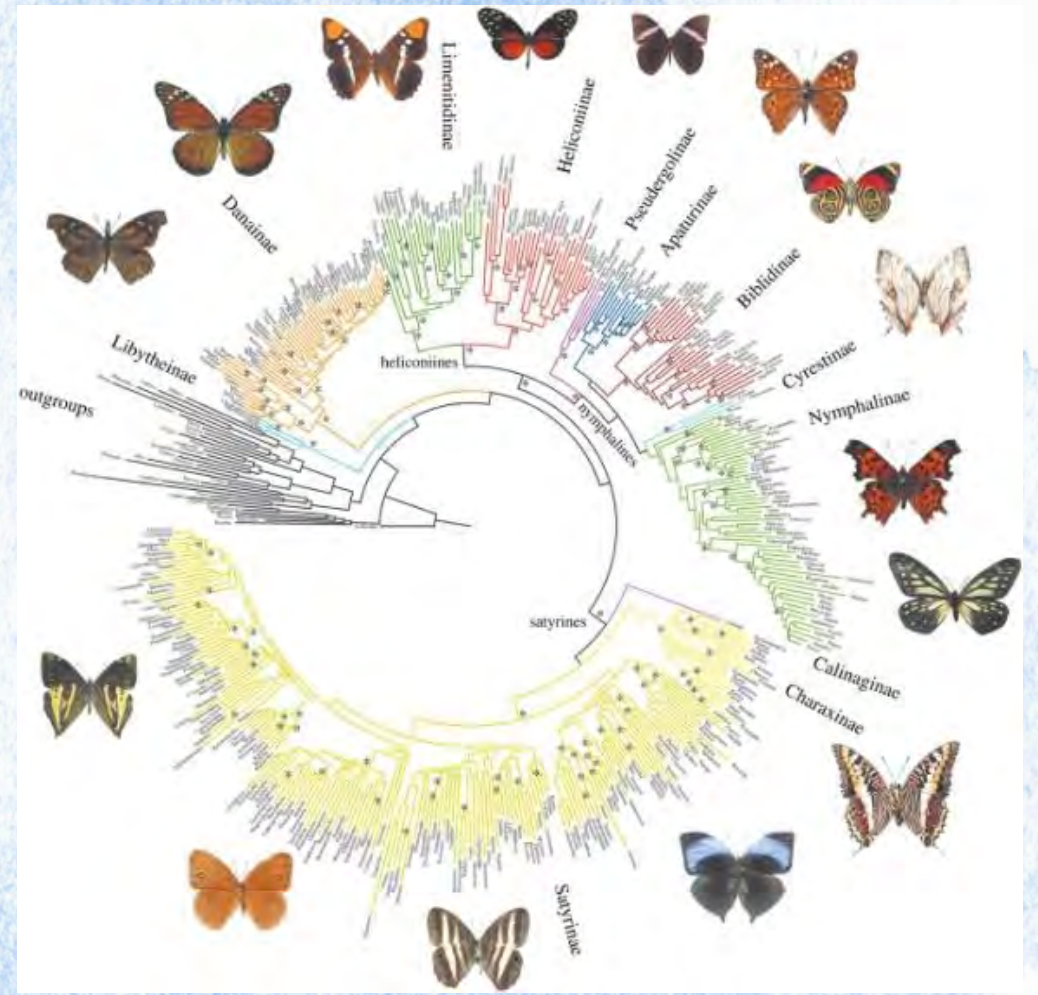
¿Cómo se puede medir la Diversidad genética?

➤ Marcadores moleculares

Muy usado en estudios evolutivos



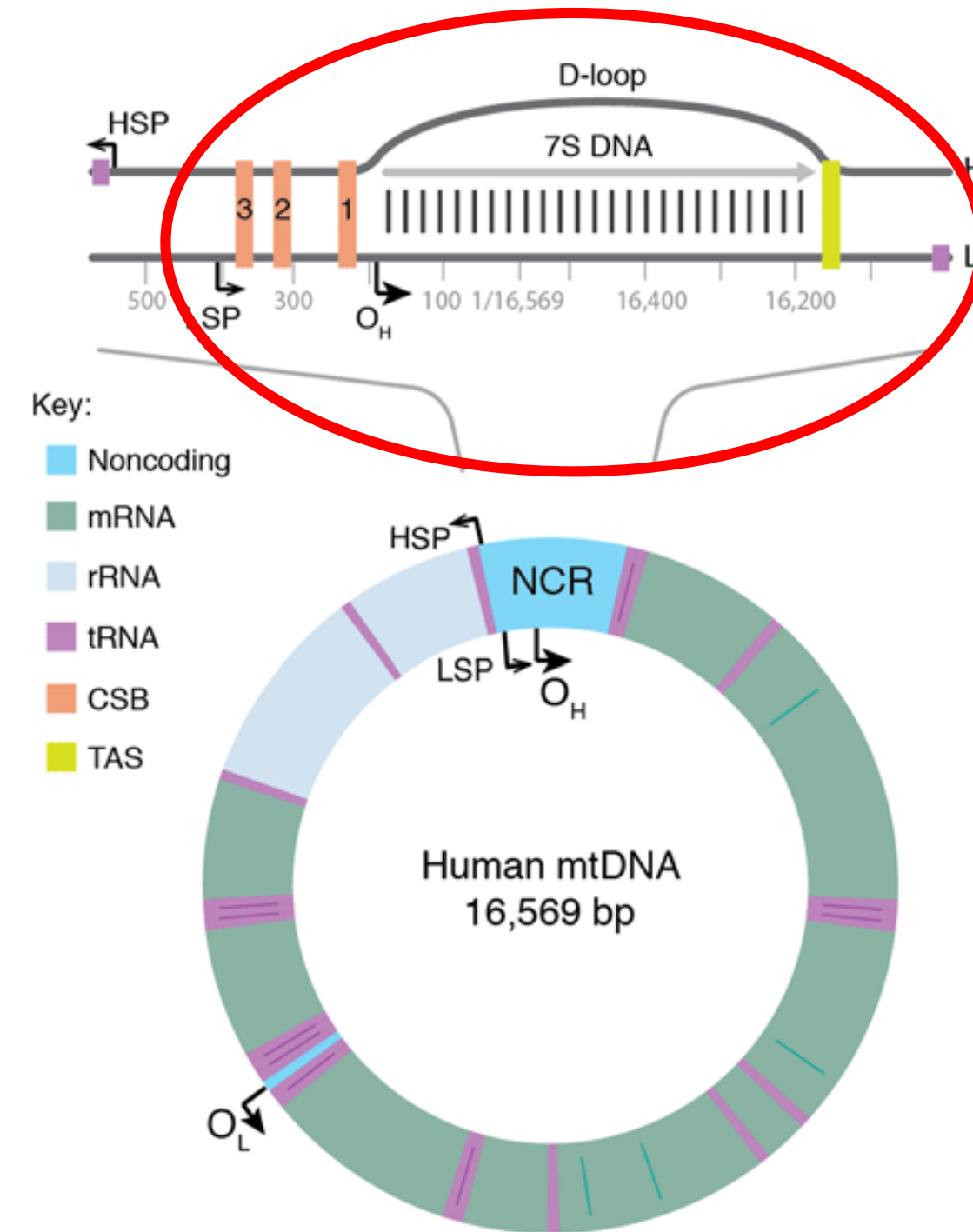
Identificación y "registro" de especies (BARCODE)



Ejemplo: Diversidad genética en la ECFA



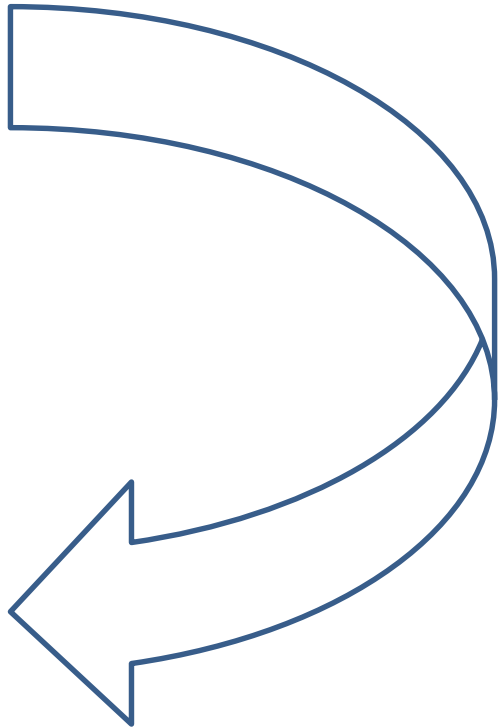
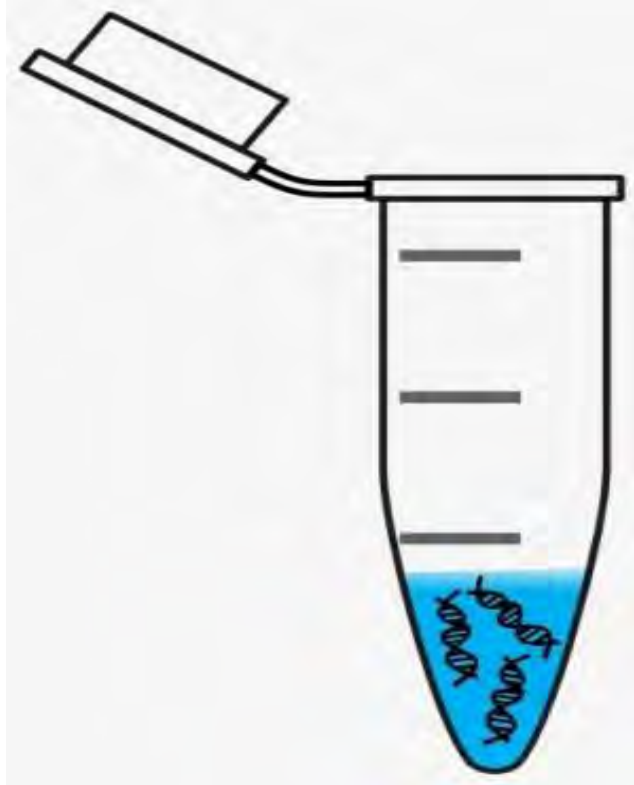
Hembras de venado de campo en la ECFA



Extracción de ADN



- Alcohol 70%
- Heladera (4°C)



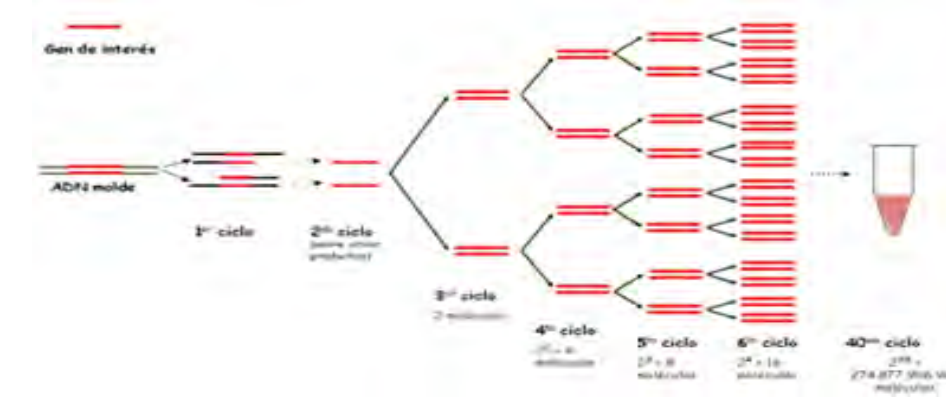
Medir la **Concentración** (ng/μl)

Nanodrop

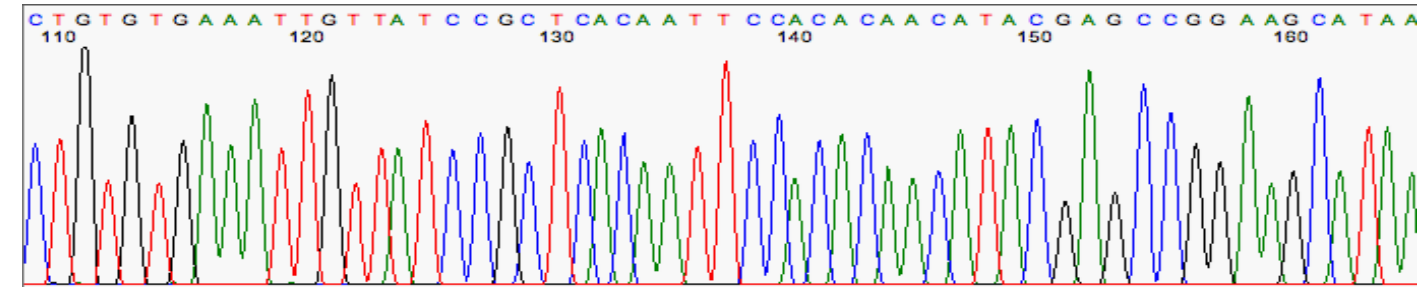
Extracción de ADN



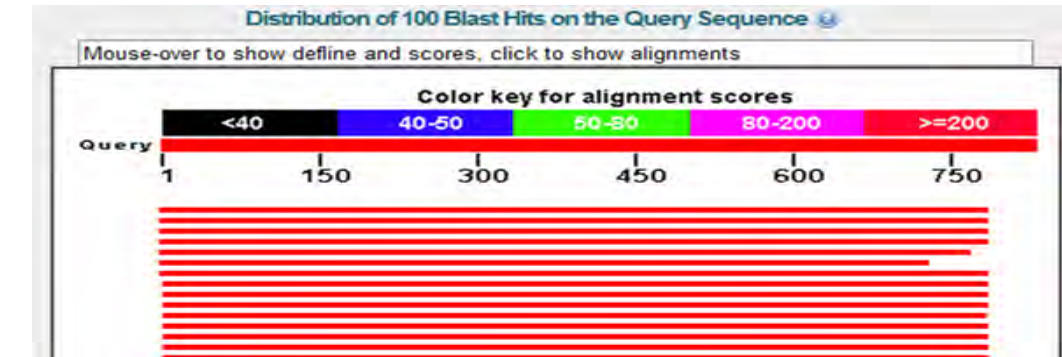
Amplificación in vitro por PCR (gen)



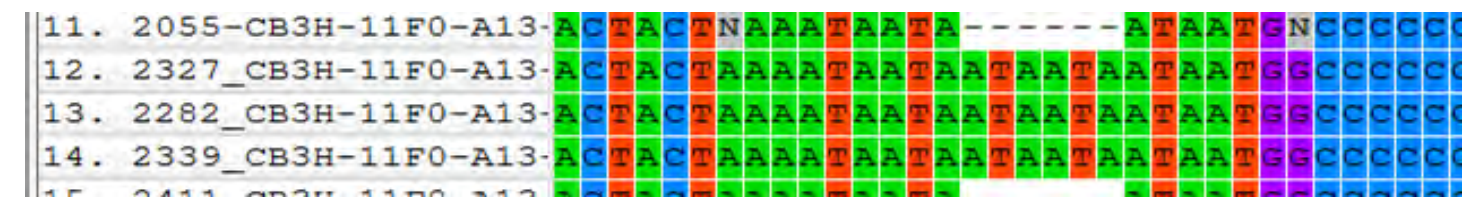
Secuenciación



BLASTn/BLASTp

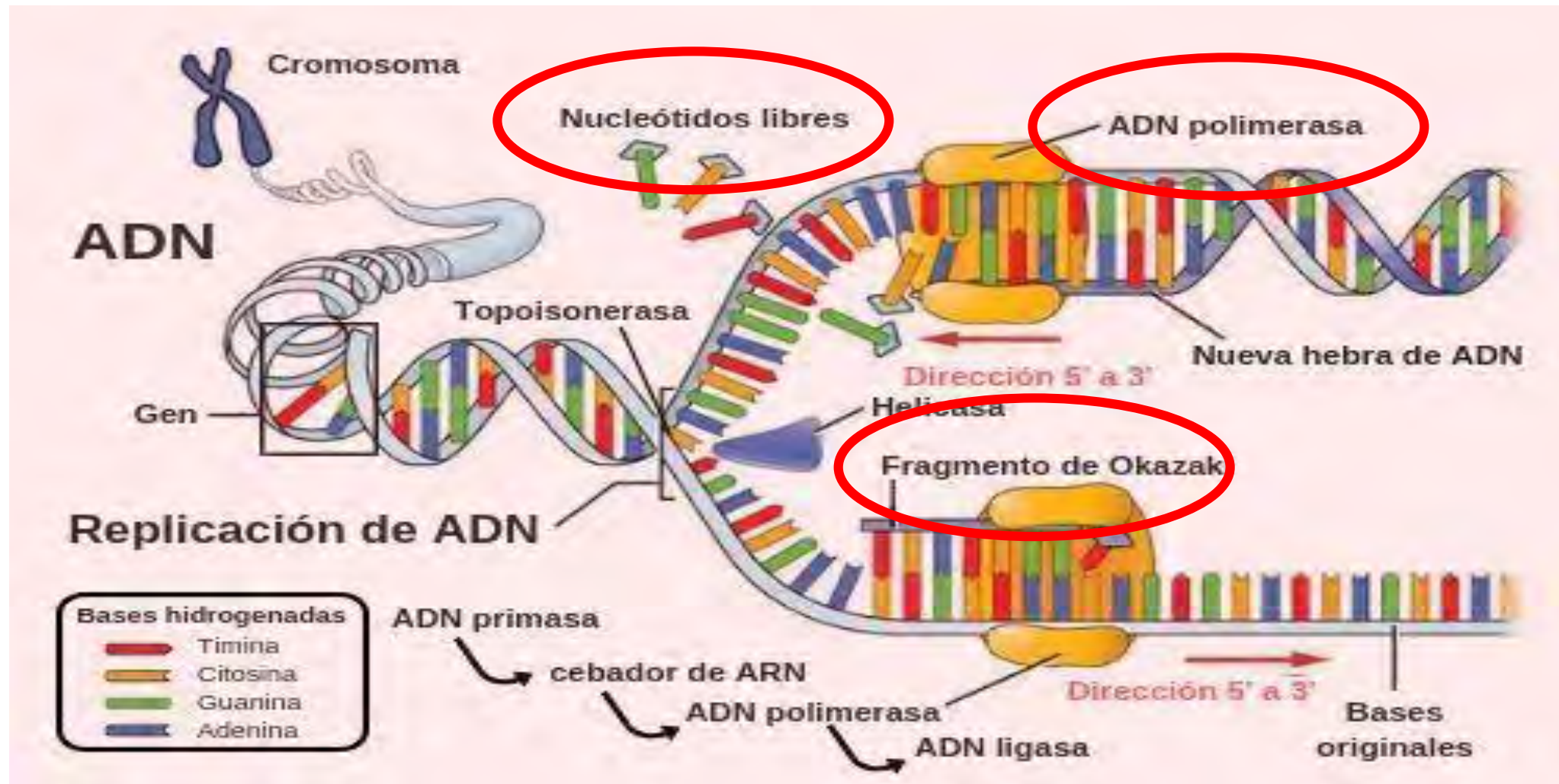


Análisis de la/s secuencia/s

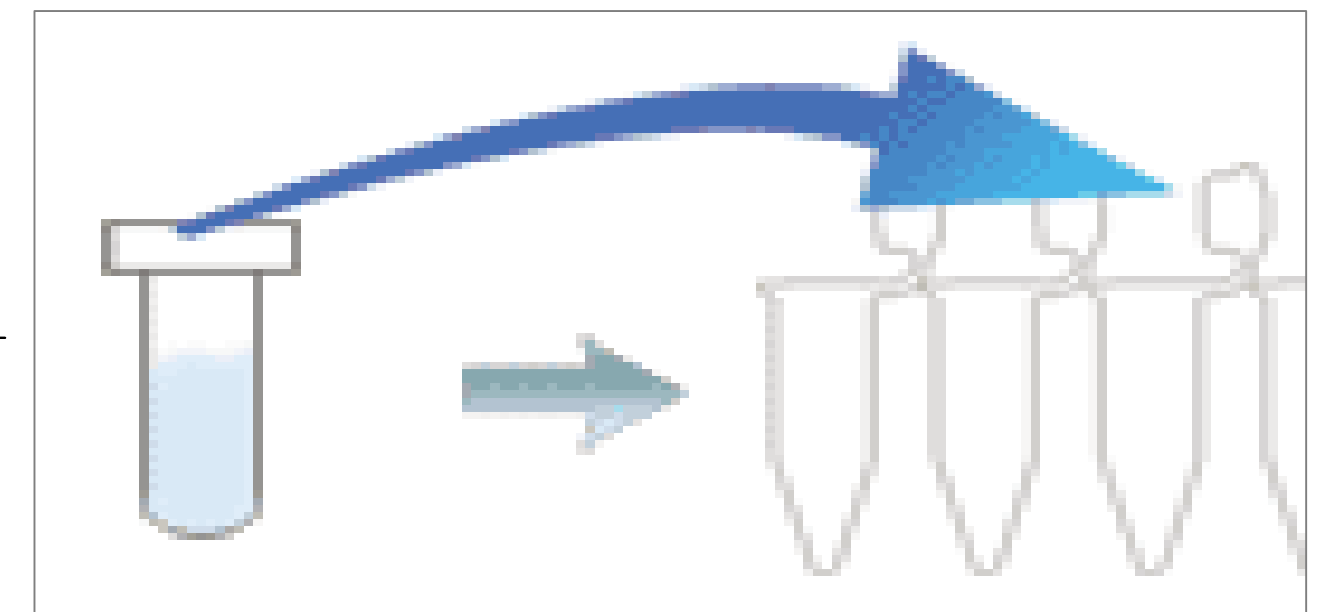


GenBank

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)



- Agua libre de nucleasas (DNAsas y RNAsas)
- Solución amortiguadora (buffer)
- Cation divalente ($MgCl_2$)
- **4 Desoxirribonucleótidos (dNTPs):** dATP / dTTP / dGTP / dCTP
- **2 Oligonucleótidos** (cebadores o "primers")
- Enzima **DNA polimerasa** (*Taq DNA polimerasa*)
- **ADN molde.**



Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

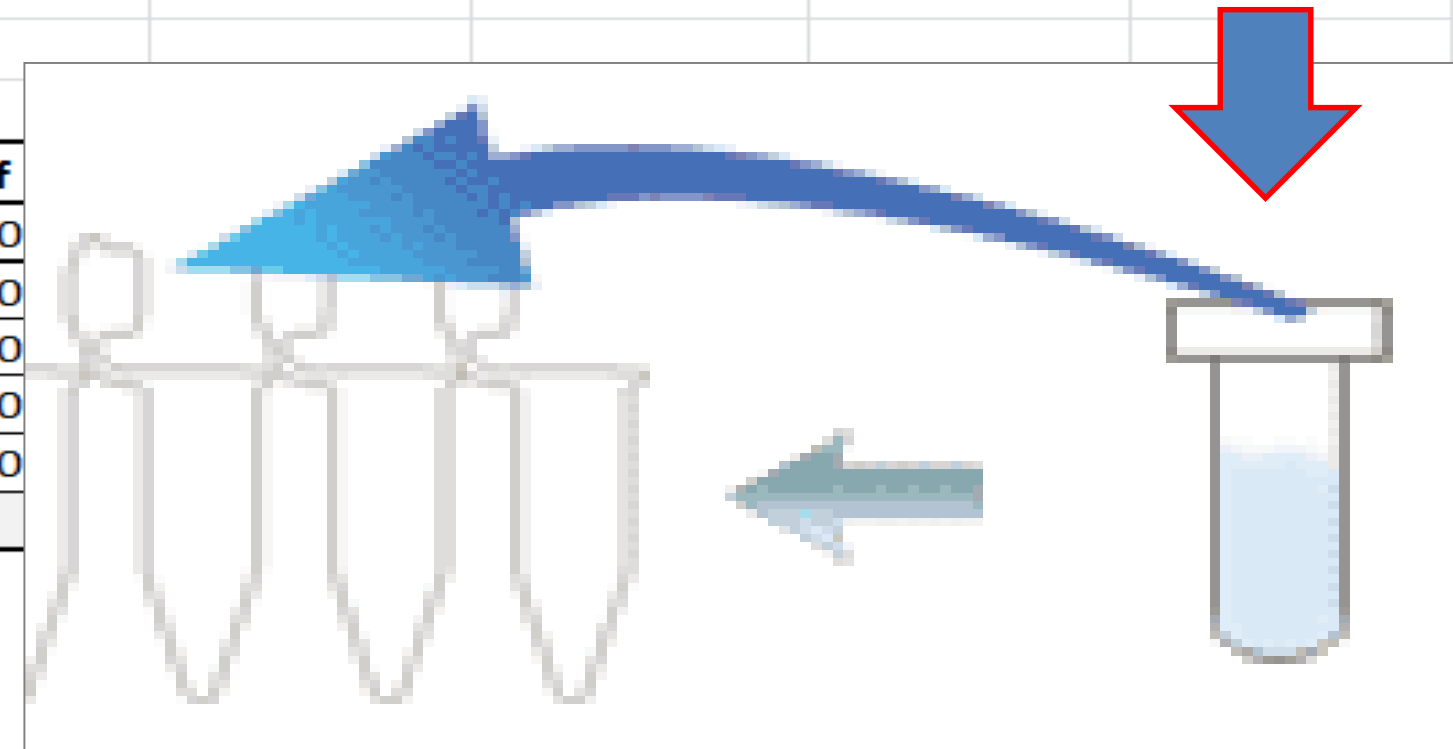
21/06/2022		INVITROGEN				primers		INVITROGEN	Termociclador	
		Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	DLH	THR	Taq	Benchmark	
TF	D-loop.03	X	uM	mM	uM	uM	uM	U	Folder	Venado
stock	C.INICIAL	10	50	10	10	25	25	5	Prog.	DLOOP INVITROGEN
pcr	C.FINAL	1	1,5	0,05	0,2	1	1	0,05	PCR-TF	
		X	uM	mM	uM	uM	uM	U	VOL. FINAL	10
MIX	H2O	Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	FW	RV	Taq	ADN	2,0
por tubo ul	5,55	1,00	0,30	0,05	0,20	0,40	0,40	0,10	mix por tubo	8,0
mix primers	38,85	7,00	2,10	0,35	1,40	2,80	2,80	0,70	Vol. TOTAL	56,0
Muest										
7										
									Ciclado	
DL_02	MUESTRA	ci	vi	vol. H2O	vf	cf		Temp	tiempo	ciclos
1	SG 320 (C+)		2		10	0,0		94°C	3 min	
4	SG369 HE_29		2		10	0,0		94°C	30 seg	40
2	SG371 HE_32		2		10	0,0		50°C	1,5 min	
3	SG372 HE_48		2		10	0,0		72°C	1,5 min	
5	SG373 HE_61		2		10	0,0		72°C	10 min	
6	C-									



Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

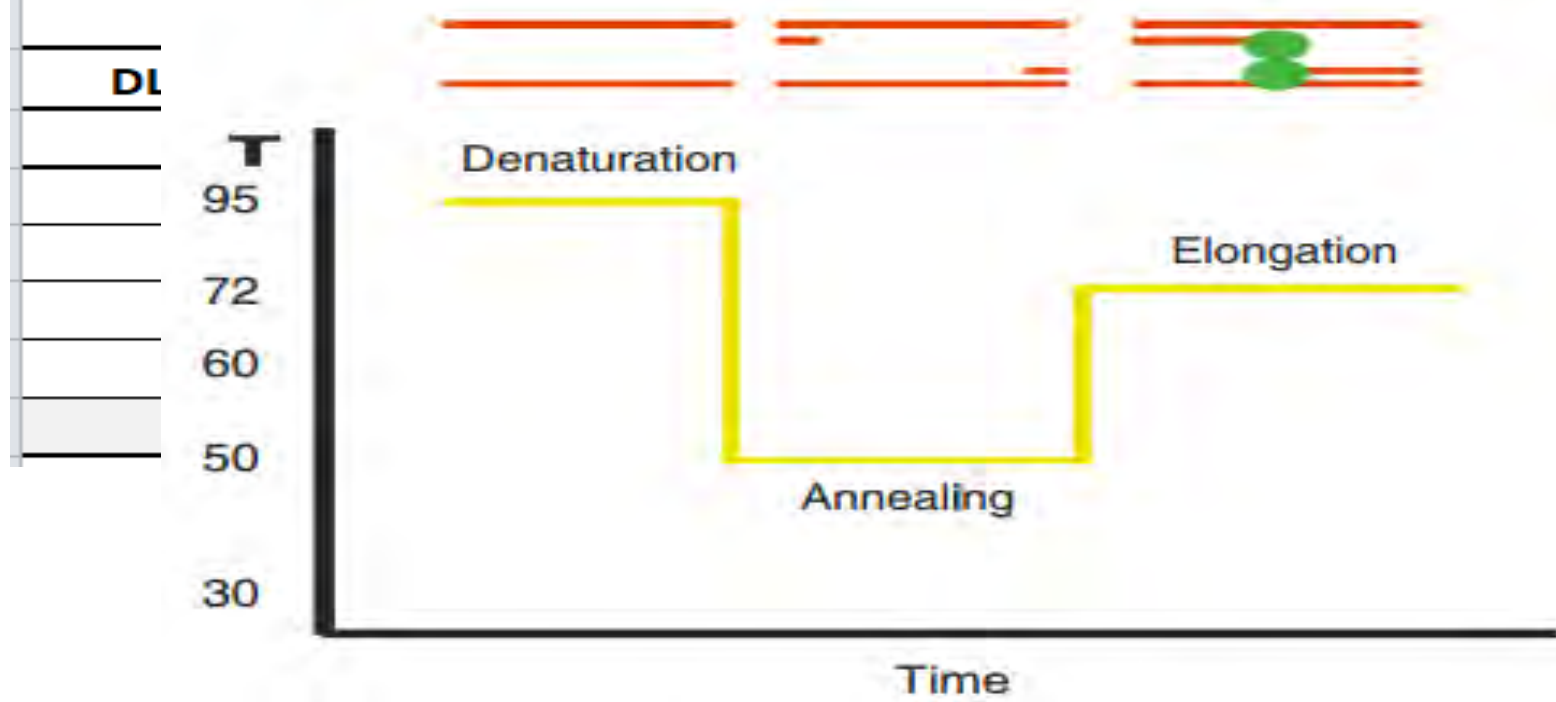
21/06/2022		INVITROGEN				primers		INVITROGEN	Termociclador	
		Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	DLH	THR	Taq	Benchmark	
TF	D-loop.03	X	uM	mM	uM	uM	uM	U	Folder	Venado
stock	C.INICIAL	10	50	10	10	25	25	5	Prog.	DLOOP INVITROGEN
pcr	C.FINAL	1	1,5	0,05	0,2	1	1	0,05	PCR-TF	
		X	uM	mM	uM	uM	uM	U	VOL. FINAL	10
MIX	H2O	Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	FW	RV	Taq	ADN	2,0
por tubo ul	5,55	1,00	0,30	0,05	0,20	0,40	0,40	0,10	mix por tubo	8,0
mix primers	38,85	7,00	2,10	0,35	1,40	2,80	2,80	0,70	Vol. TOTAL	56,0

DL_02	MUESTRA	ci	vi	vol. H2O	vf	cf
1	SG 320 (C+)		2		10	0,0
4	SG369 HE_29		2		10	0,0
2	SG371 HE_32		2		10	0,0
3	SG372 HE_48		2		10	0,0
5	SG373 HE_61		2		10	0,0
6	C-					



Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

21/06/2022		INVITROGEN				primers		INVITROGEN	Termociclador	
TF	D-loop.03	Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	DLH	THR	Taq	Benchmark	
stock	C.INICIAL	10	50	10	10	25	25	5	Folder	Venado
pcr	C.FINAL	1	1,5	0,05	0,2	1	1	0,05	PCR-TF	
		X	uM	mM	uM	uM	uM	U	VOL. FINAL	10
MIX	H2O	Buffer	MgCl2	dNTPs	BSA	FW	RV	Taq	ADN	2,0
por tubo ul	5,55	1,00	0,30	0,05	0,20	0,40	0,40	0,10	mix por tubo	8,0
mix primers	38,85	7,00	2,10	0,35	1,40	2,80	2,80	0,70	Vol. TOTAL	56,0
Muest										
7										



Termociclador



Ciclado		
Temp	tiempo	ciclos
94°C	3 min	
94°C	30 seg	40
50°C	1,5 min	
72°C	1,5 min	
72°C	10 min	

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)



Desnaturalización inicial

Mezcla de reacción

Paso 1

Paso 2

Paso 3

Extensión final

Repetición n veces (ciclos) de los 3 pasos

Cadena de ADN original para copia

5'
3'

3'
5'

Cebador

Nucleótido

1

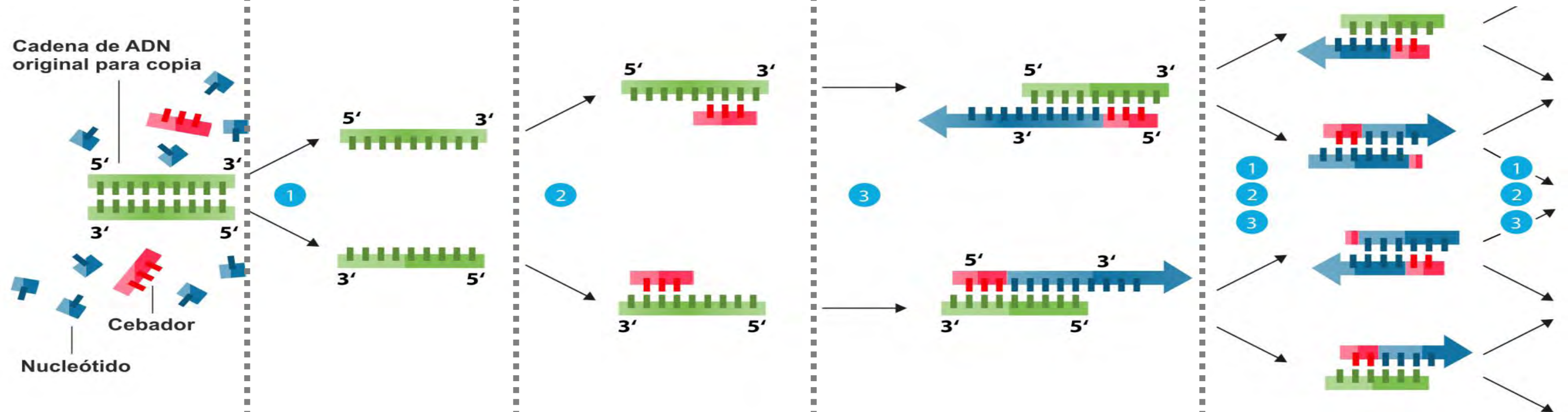
2

3

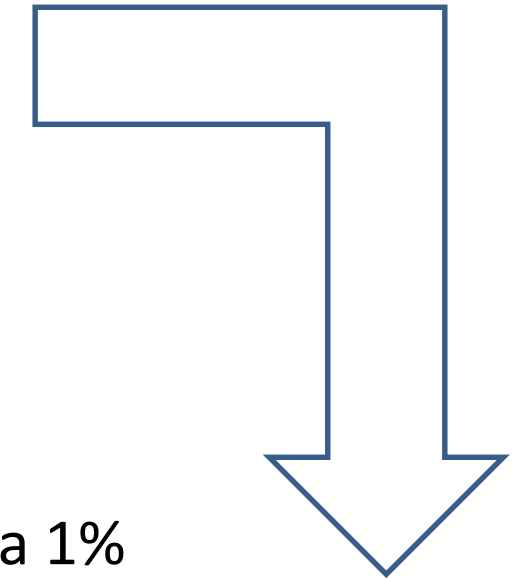
1
2
3

1
2
3

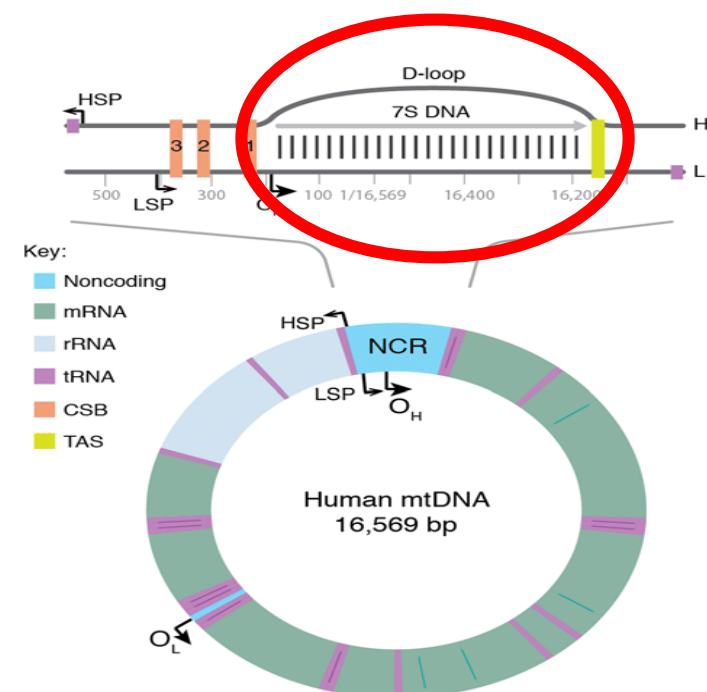
Se repiten n veces (30 – 40 ciclos)



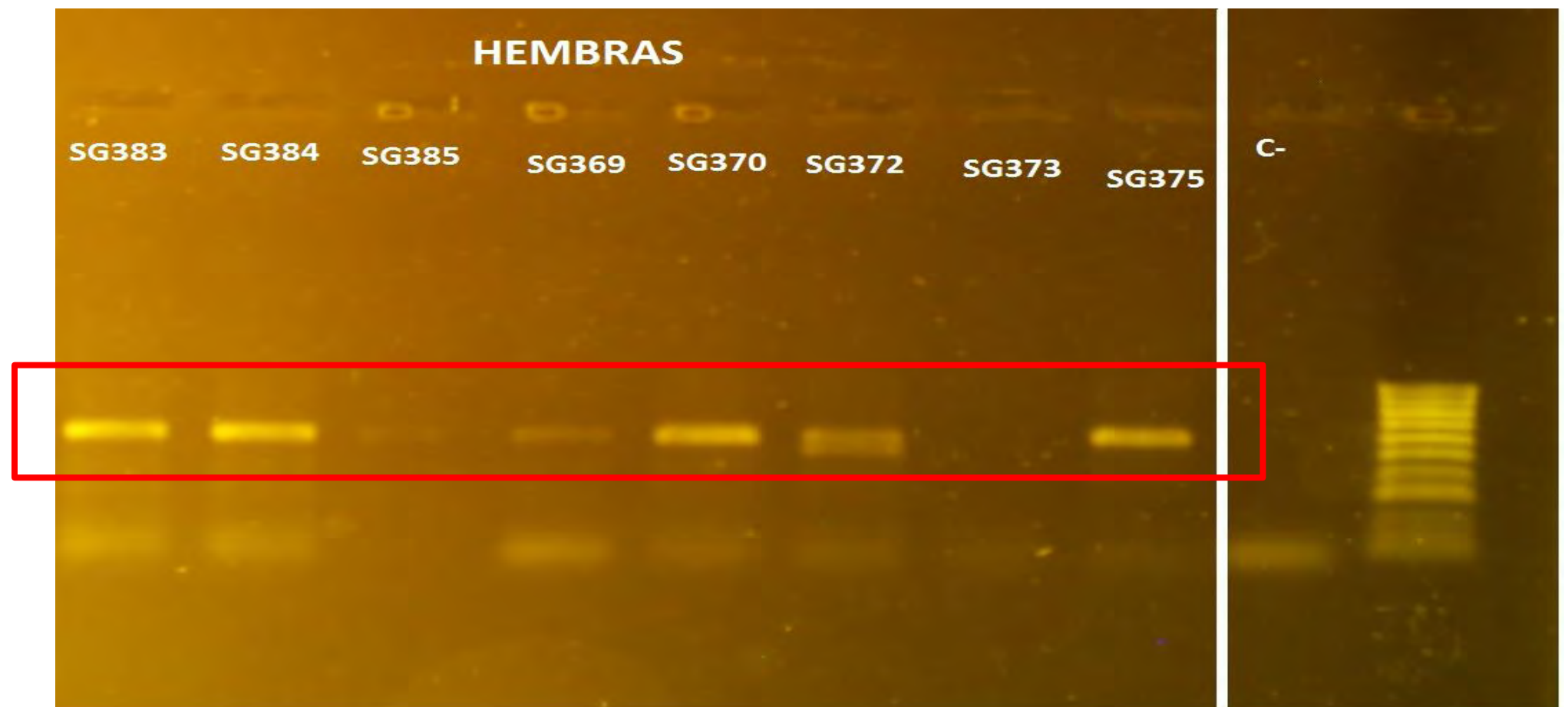
Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)



Gel de agarosa 1%



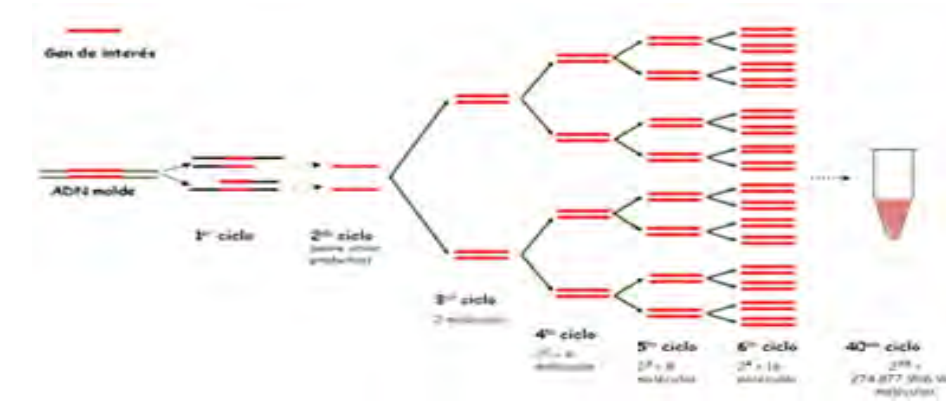
Fragmento de la Región control amplificado



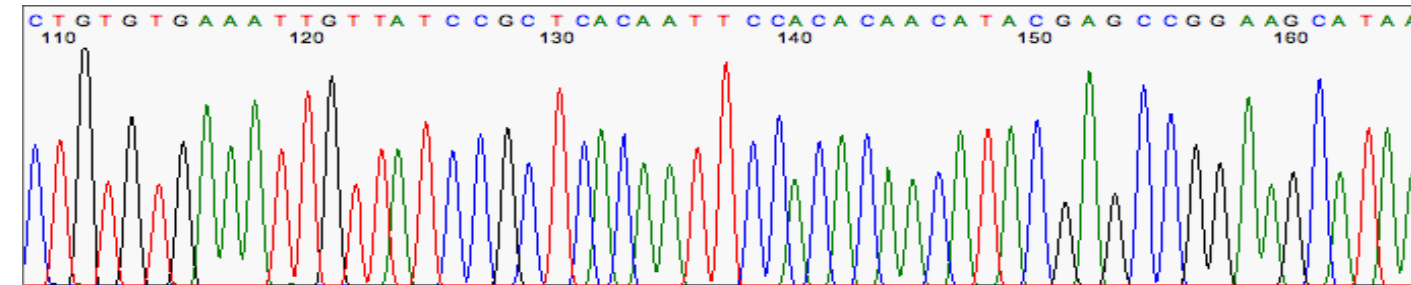
Extracción de ADN



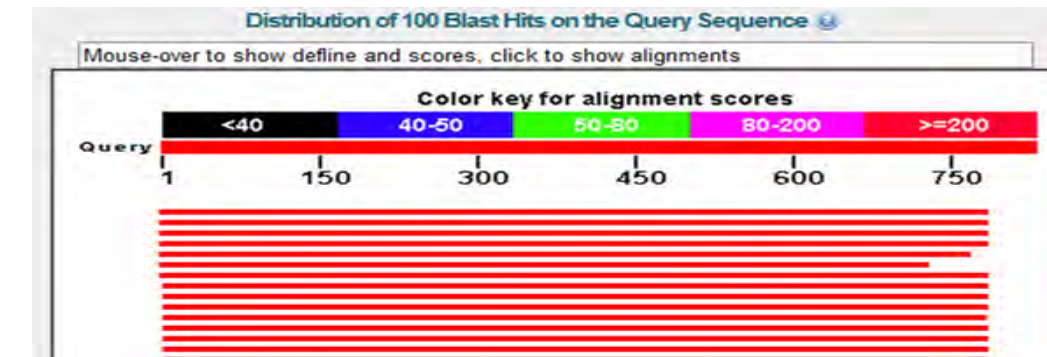
Amplificación in vitro por PCR (gen)



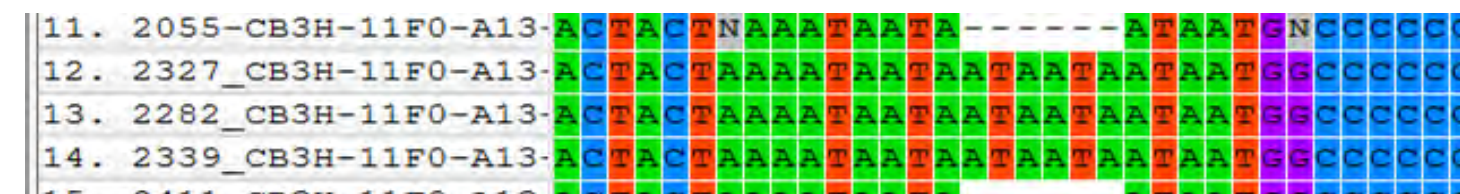
Secuenciación



BLASTn/BLASTp



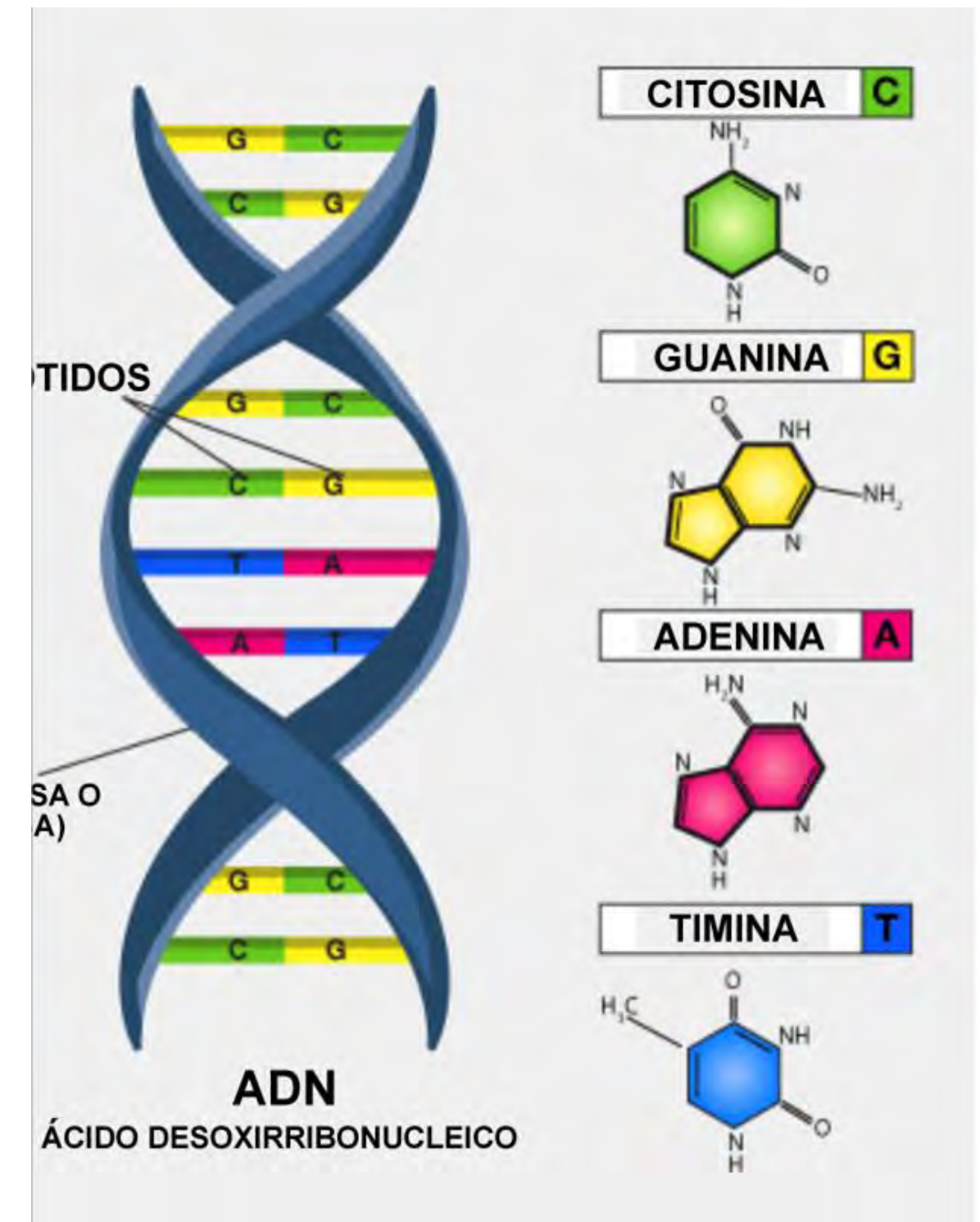
Análisis de la/s secuencia/s



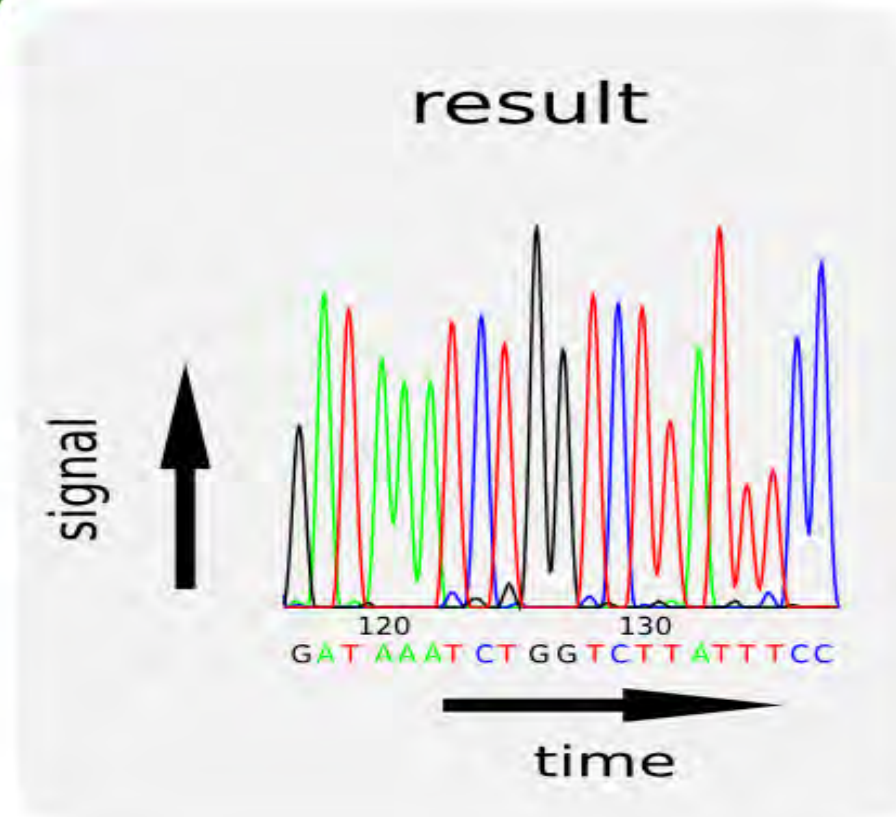
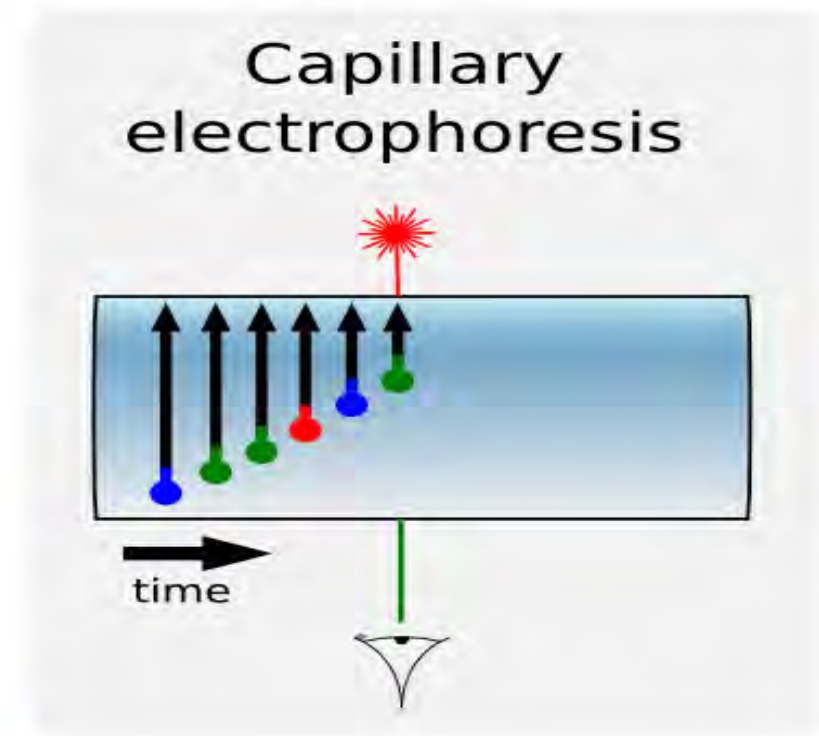
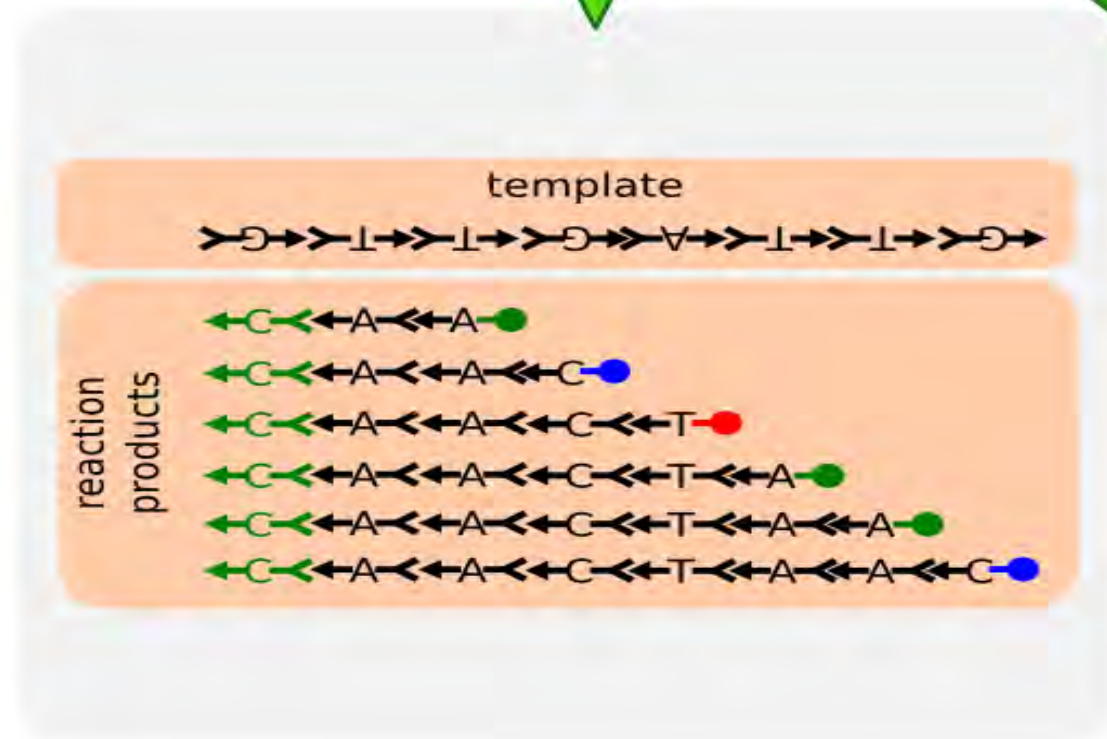
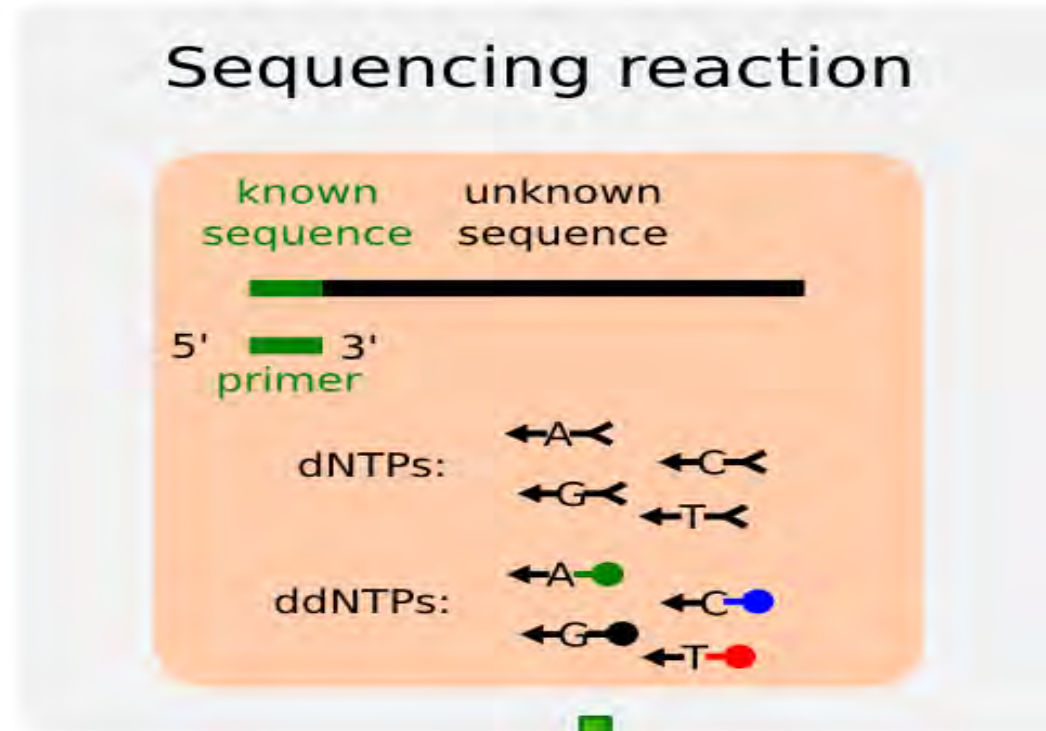
GenBank

Secuenciación de Ácidos Nucleicos

- Frederick Sanger (1975).
- Actualmente, existen diversas técnicas de secuenciación.
- **Único objetivo:** *establecer la secuencia de bases nitrogenadas (A, C, G, T) que conforman una determinada molécula de ADN.*



Secuenciación "automática"



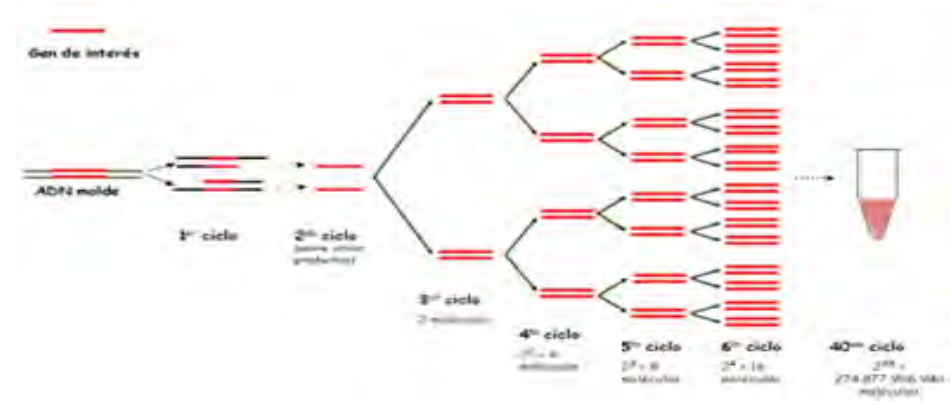
➤ **Cromatograma**
(A, T, G, C)

Identificación de un "gen" y sus "variantes"

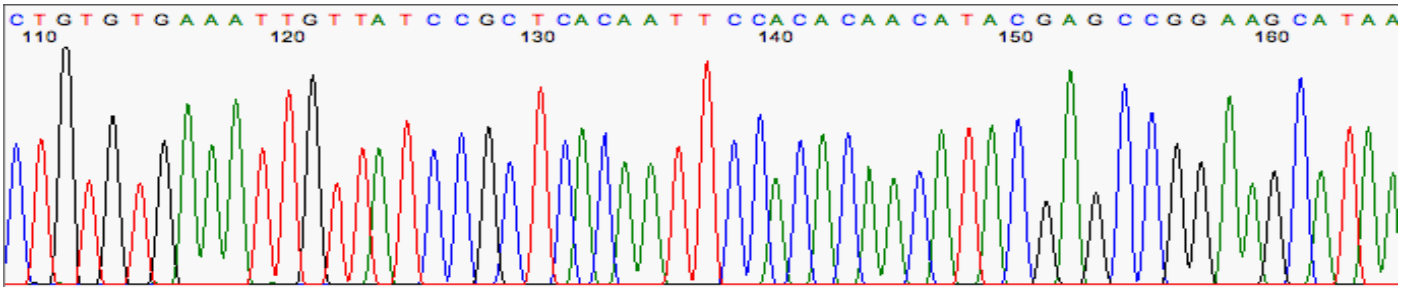
Extracción de ADN



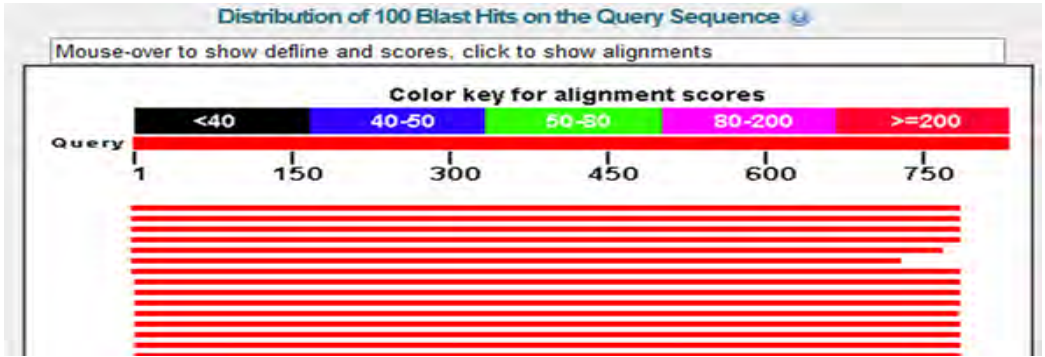
Amplificación in vitro por PCR (gen)



Secuenciación



BLASTn/BLASTp



Análisis de la/s secuencia/s

11. 2055-CB3H-11F0-A13- A C T A C T N A A A T A A T A - - - A T A A T T G N C C C C C C C
12. 2327_CB3H-11F0-A13- A C T A C T A A A A T A A T A A T A A T A A T A A T G G C C C C C C C
13. 2282_CB3H-11F0-A13- A C T A C T A A A A T A A T A A T A A T A A T A A T G G C C C C C C C
14. 2339_CB3H-11F0-A13- A C T A C T A A A A T A A T A A T A A T A A T A A T G G C C C C C C C
15. 2441_CB3H-11F0-A13- A C T A C T A A A A T A A T A A T A A T A A T A A T G G C C C C C C C

GenBank

Análisis de las secuencias nucleótidos

- **MEGA X** (<http://www.megasoftware.net/>)
 - Secuencia final → **BLASTn** (buscar secuencias homólogas en **GenBank**)

BLAST® » blastn suite » results for RID-8414BN0X013

Home Recent Results Saved Strategies Help

[← Edit Search](#) Save Search Search Summary ▾

How to read this report? BLAST Help Videos Back to Traditional Results Page

Job Title **Nucleotide Sequence**

RID [8414BN0X013](#) Search expires on 07-02 09:21 am [Download All](#) ▾

Program BLASTN [Citation](#) ▾

Database nt [See details](#) ▾

Query ID lc|Query_3502057

Description None

Molecule type dna

Query Length 581

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) ?

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to

E value to

Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ ?

select all 100 sequences selected [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Ozotoceros bezoarticus isolate MRGOB2 mitochondrion, complete genome	Ozotoceros b...	1008	1008	100%	0.0	98.45%	16357	NC_020766.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Ozotoceros bezoarticus voucher NUPECCE:FNMA40 mitochondrion, complete genome	Ozotoceros b...	994	994	100%	0.0	97.28%	16369	MZ350860.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoubira voucher NUPECCE:T377 mitochondrion, complete genome	Subulo g...	954	954	100%	0.0	92.62%	16355	M7350959.1

[Feedback](#)

Análisis de las secuencias nucleótidos

- **MEGA X** (<http://www.megasoftware.net/>)
 - Secuencia final → **BLASTn** (buscar secuencias homólogas en **GenBank**)

Descriptions | Graphic Summary | Alignments | Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download | Select columns | Show 100 | ?

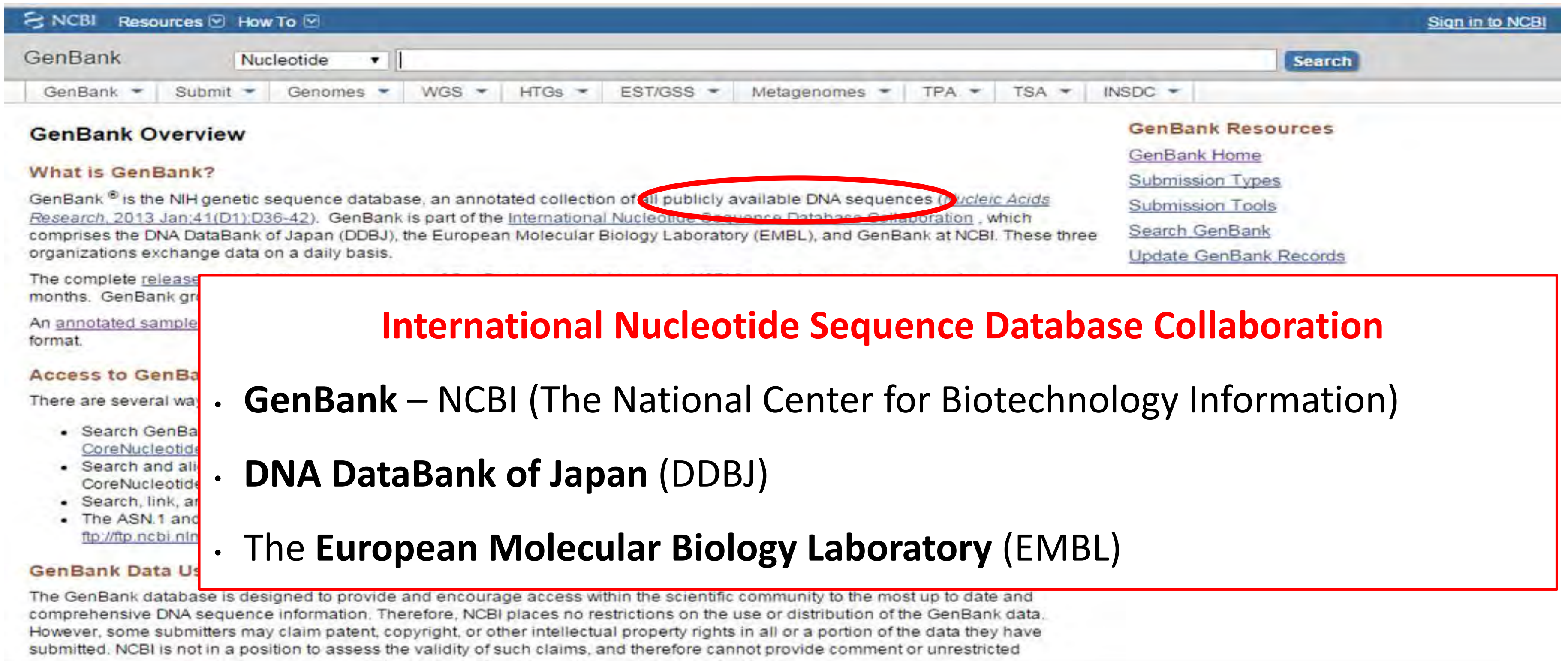
select all 100 sequences selected

GenBank | Graphics | Distance tree of results | MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Ozotoceros bezoarticus isolate MRGOB2 mitochondrion, complete genome	Ozotoceros b...	1008	1008	100%	0.0	98.45%	16357	NC_020766.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Ozotoceros bezoarticus voucher NUPECCE:FNMA40 mitochondrion, complete genome	Ozotoceros b...	994	994	100%	0.0	97.28%	16369	MZ350860.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoupira voucher NUPECCE:T377 mitochondrion, complete genome	Subulo gouaz...	854	854	100%	0.0	92.62%	16355	MZ350858.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoupira isolate NUPECCE:T314 mitochondrion, complete genome	Subulo gouaz...	843	843	100%	0.0	92.29%	16356	KJ772514.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoupira voucher NUPECCE:T389 mitochondrion, complete genome	Subulo gouaz...	837	837	100%	0.0	92.11%	16354	MZ350866.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hippocamelus antisensis isolate MRGHa9 mitochondrion, complete genome	Hippocamelu...	831	831	100%	0.0	91.92%	16410	NC_020711.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoupira isolate MRGsp2 mitochondrion, complete genome	Subulo gouaz...	825	825	100%	0.0	91.61%	16355	NC_020720.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus mitochondrion, complete genome	Blastocerus d...	824	824	100%	0.0	91.57%	16359	OQ198442.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus isolate MRGBd8 mitochondrion, complete genome	Blastocerus d...	824	824	100%	0.0	91.57%	16359	NC_020682.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Bisbalus citus mitochondrion, complete genome	Bisbalus citus	822	822	100%	0.0	91.74%	16359	NC_087818.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus haplotype P mitochondrial D-loop, partial sequence	Blastocerus d...	820	820	100%	0.0	91.57%	592	AY326250.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus haplotype A mitochondrial D-loop, partial sequence	Blastocerus d...	816	816	100%	0.0	91.39%	592	AY326235.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus haplotype Q mitochondrial D-loop, partial sequence	Blastocerus d...	811	811	100%	0.0	91.22%	592	AY326251.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mazama gouazoupira voucher NUPECCE:T386 mitochondrion, complete genome	Subulo gouaz...	809	809	100%	0.0	90.91%	16356	MZ350865.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pudu puda isolate M92144 mitochondrion, complete genome	Pudu puda	807	807	100%	0.0	91.05%	16347	NC_020740.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus haplotype M mitochondrial D-loop, partial sequence	Blastocerus d...	806	806	99%	0.0	91.18%	588	AY326247.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Blastocerus dichotomus haplotype L mitochondrial D-loop, partial sequence	Blastocerus d...	802	802	99%	0.0	91.15%	574	AY326246.1

Feedback

¿Qué es el GenBank?



NCBI Resources How To Sign in to NCBI

GenBank Nucleotide Search

GenBank Submit Genomes WGS HTGs EST/GSS Metagenomes TPA TSA INSDC

GenBank Overview

What is GenBank?

GenBank® is the NIH genetic sequence database, an annotated collection of **all publicly available DNA sequences** (*Nucleic Acids Research*, 2013 Jan;41(D1):D36-42). GenBank is part of the **International Nucleotide Sequence Database Collaboration**, which comprises the DNA DataBank of Japan (DDBJ), the European Molecular Biology Laboratory (EMBL), and GenBank at NCBI. These three organizations exchange data on a daily basis.

GenBank Resources

- [GenBank Home](#)
- [Submission Types](#)
- [Submission Tools](#)
- [Search GenBank](#)
- [Update GenBank Records](#)

The complete release months. GenBank gr

An [annotated sample format](#).

Access to GenBa

There are several wa

- Search GenBa [CoreNucleotide](#)
- Search and ali [CoreNucleotide](#)
- Search, link, ar
- The ASN.1 and <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/>

GenBank Data Us

The GenBank database is designed to provide and encourage access within the scientific community to the most up to date and comprehensive DNA sequence information. Therefore, NCBI places no restrictions on the use or distribution of the GenBank data. However, some submitters may claim patent, copyright, or other intellectual property rights in all or a portion of the data they have submitted. NCBI is not in a position to assess the validity of such claims, and therefore cannot provide comment or unrestricted

International Nucleotide Sequence Database Collaboration

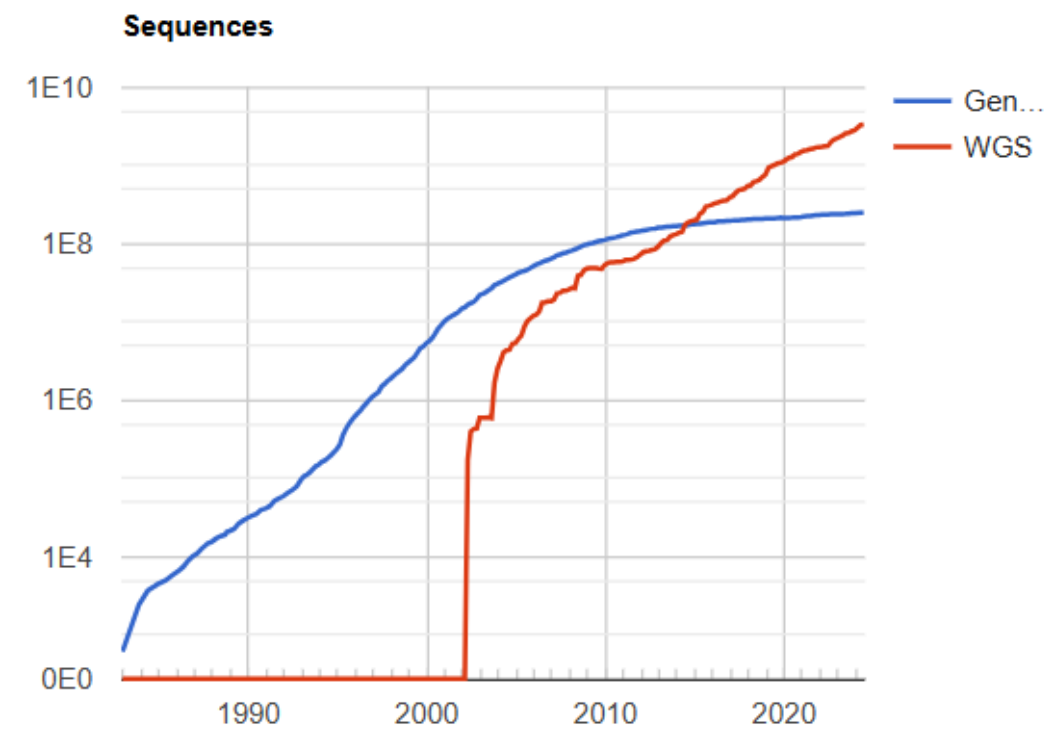
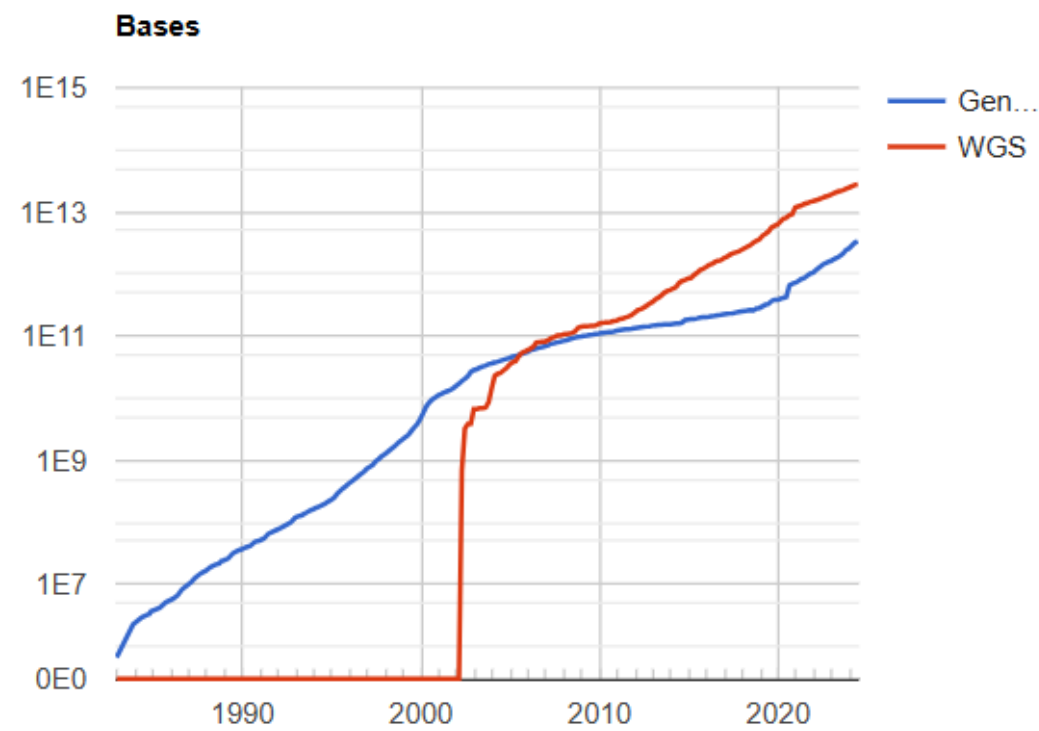
- **GenBank – NCBI (The National Center for Biotechnology Information)**
- **DNA DataBank of Japan (DDBJ)**
- **The European Molecular Biology Laboratory (EMBL)**

GenBank

GenBank

GenBank ▾ Submit ▾ Genomes ▾ WGS ▾ Metagenomes ▾ TPA ▾ TSA ▾ INSDC ▾ Documentation ▾ Other ▾

GenBank and WGS Statistics



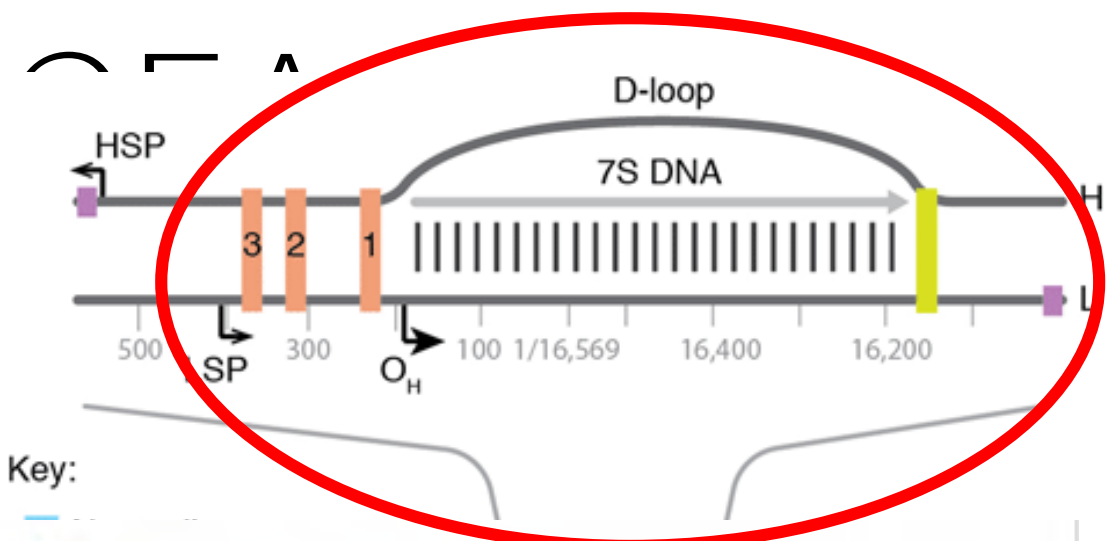
Notes on GenBank statistics

The following table lists the number of bases and the number of sequence records in each release of GenBank, beginning with Release 3 in 1982. CON-division records are not represented in these statistics: because they are constructed from the non-CON records in the database, their inclusion here would be a form of double-counting. Also note that this table is limited to 'traditional', non-set-based (WGS/TSA/TLS) GenBank records. From 1982 to the present, the number of bases in GenBank has doubled approximately every 18 months.

Notes on WGS statistics

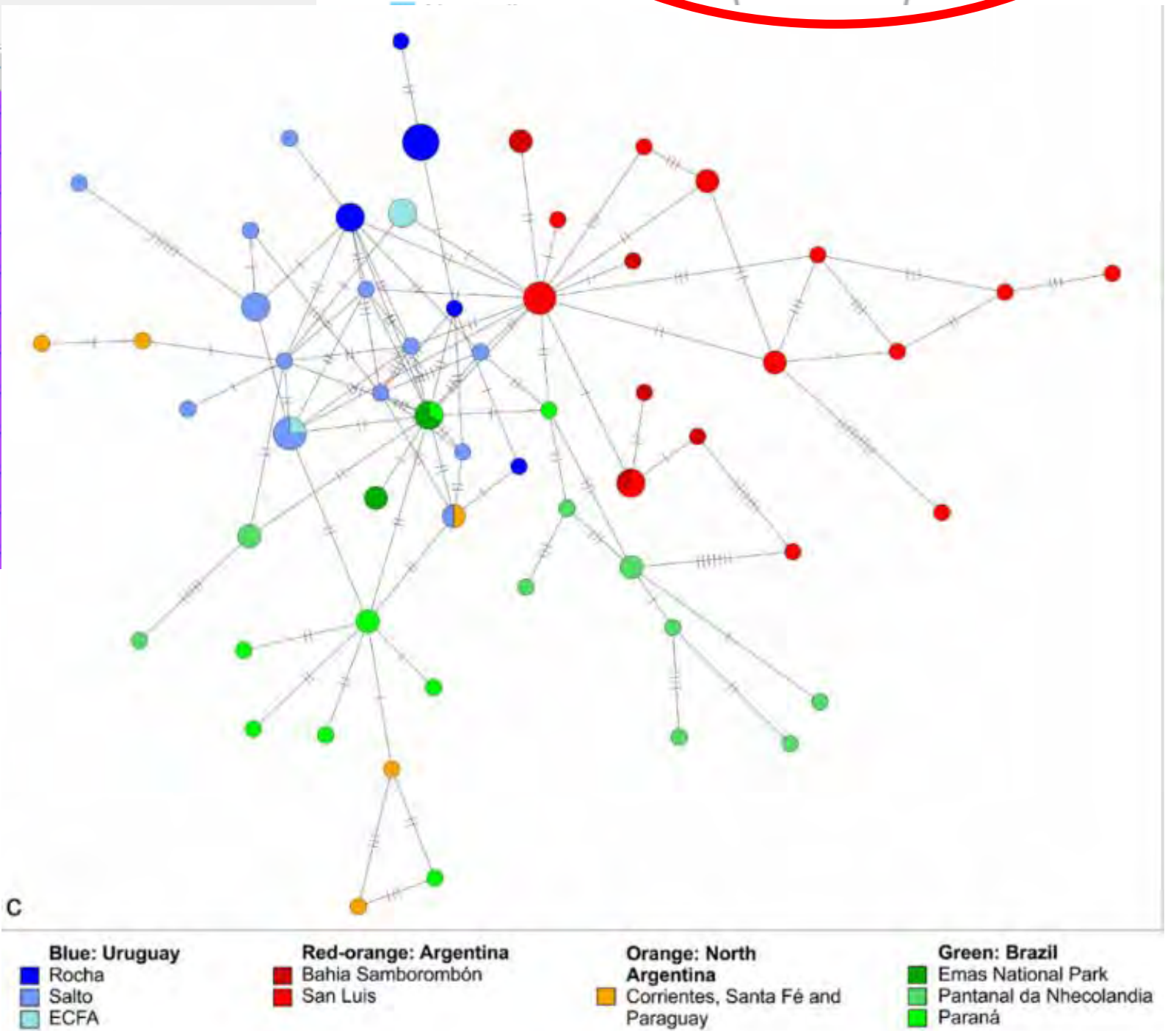
<ftp://ftp.ncbi.nih.gov/ncbi-asn1/wgs> <ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genbank/wgs>

Diversidad genética en la E



M11: Alignment Explorer (Alin secs HEMBRAS_ECFA.mas)

Species/Abbrv	Sequence
1. SG370_ECFA_He60	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
2. +SG370_ECFA_He60	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
3. SG375_ECFA_He114	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
4. +SG375_ECFA_He114	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
5. SG383_ECFA_He83	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
6. SG384_ECFA_He27	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
7. SG385_ECFA_He84	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGGGTAGATTTGACTAAATGTGCCATGTACG
8. SG369/374_pelos	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGGGTAGATTTGACTAAATGTGCCATGTACG
9. SG374/369_fecas	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGGGTAGATTTGACTAAATGTGCCATGTACG
10. SG371_ECFA_He32	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
11. SG372_ECFA_He48	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG
12. SG376_ECFA_SinCar	GGACGGGATACGCATGTTGACAAGAGTAGATTTGACTAAATGTGCTATGTACG



Hembras de venado de campo en la ECFA



¡MUCHAS GRACIAS!



CURSO “Biología de la Conservación de Cérvidos Neotropicales”

PRÁCTICO (2024)

Aplicación de marcadores moleculares para la identificación de especies a partir de muestras no invasivas



Docentes responsables: Verónica Gutiérrez, Claudia Corbi Botto y Guillermo Morera

Docente colaborador: Matías González Barboza