

## **Nombre del curso: Evolución de familias multigénicas**

Licenciaturas: Ciencias biológicas, bioquímica.

Frecuencia y semestre: frecuencia ocasional, semestre impar 2020

Créditos asignados: 4

Área del conocimiento: (resuelve la comisión de carrera)

Horario y salón: lunes 13-15 hs, salón 107, Facultad de Ciencias.

Nombre del/la docente responsable y contacto:

Enrique Lessa, Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología y Evolución,  
[lessa@fcien.edu.uy](mailto:lessa@fcien.edu.uy)

Docentes participantes: Alejandro D'Anatro, Federico G. Hoffmann, Mississippi State University (docente invitado).

Conocimientos: 90 créditos del ciclo inicial de la Licenciatura en Ciencias Biológicas, más conocimientos de genética, bioquímica general y evolución. Haber aprobado el examen de Evolución o equivalente.

Ejemplos unidades curriculares: Matemática 1 y 2, Química 1 y 2, Introducción a la Biología, Bioquímica, Genética, Evolución, Bioestadística.

Conocimientos adicionales sugeridos: Análisis filogenético, evolución molecular, genética de poblaciones.

¿Qué herramientas aporta esta unidad curricular en la formación profesional del estudiante?

El estudiante aprenderá a explorar y utilizar bases de datos en los campos de la genómica comparada, tales como Ensembl, OMA browser, Genbank y bases de datos relacionadas. Extracción, compilación y análisis de datos genómicos para el examen de la evolución de genes y familias multigénicas en cordados, con énfasis en tetrápodos.

### **Temario sintético:**

1. Introducción al sistema operativo Linux. Ejercicios preparatorios de administración y organización del sistema.
2. Introducción a las principales herramientas de adquisición y organización de datos genómicos.
3. Familias multigénicas. Conceptos, ejemplos, y mecanismos de evolución.
4. Familias multigénicas. Caracterización y análisis utilizando recursos y bases de datos genómicos.
5. Familias multigénicas. Árboles filogenéticos de genes y especies.
6. Inferencia filogenética. Aplicaciones.
7. Análisis de selección natural a nivel de secuencias.

## Bibliografía

### a) Básica

- Graur, D. 2016. *Molecular and genome evolution*, 1<sup>st</sup> edition, Sinauer Assoc., Sunderland, MA, EE.UU.
- Lesk, A. M. 2017. *Introduction to genomics*, 3<sup>rd</sup> edition. Oxford Univ. Press, Oxford, UK.
- Lynch, M. 2007. *The origins of genome architecture*, 1<sup>st</sup> edition. Sinauer Assoc., Sunderland, MA, EE.UU.

### b) Complementaria

- Albalat, Ricard, and Cristian Cañestro. 2016. "Evolution by Gene Loss." *Nature Reviews Genetics* 17 (7): 379–91. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.39>.
- Hauser, Frances E., and Belinda SW Chang. 2017. "Insights into Visual Pigment Adaptation and Diversity from Model Ecological and Evolutionary Systems." *Current Opinion in Genetics and Development* 47 (November): 110–20. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2017.09.005>.
- Hoffmann, Federic G., Juan C. Opazo, David Hoogewijs, Thomas Hankeln, Bettina Ebner, Serge N. Vinogradov, Xavier Bailly, and Jay F. Storz. Evolution of the globin gene family in deuterostomes: lineage-specific patterns of diversification and attrition. *Molecular Biology and Evolution* 29:1735-1745. doi:10.1093/molbev/mss018
- Iñiguez, Luis P., and Georgina Hernández. 2017. "The Evolutionary Relationship between Alternative Splicing and Gene Duplication." *Frontiers in Genetics* 8 (FEB): 1–7. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00014>.
- Kondrashov, Fyodor A. 2012. "Gene Duplication as a Mechanism of Genomic Adaptation to a Changing Environment." *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 279 (1749): 5048–57. <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.1108>.
- Levasseur, Anthony, and Pierre Pontarotti. 2011. "The Role of Duplications in the Evolution of Genomes Highlights the Need for Evolutionary-Based Approaches in Comparative Genomics." *Biology Direct* 6: 1–12. <https://doi.org/10.1186/1745-6150-6-11>.
- Zarrei, Mehdi, Jeffrey R. MacDonald, Daniele Merico, and Stephen W. Scherer. 2015. "A Copy Number Variation Map of the Human Genome." *Nature Reviews Genetics* 16 (3): 172–83. <https://doi.org/10.1038/nrg3871>.
- Bielawski JP, Yang Z. Maximum likelihood methods for detecting adaptive evolution after gene duplication. *J Struct Funct Genomics*. 2003;3(1-4):201-12.
- Bielawski JP, Yang Z. A maximum likelihood method for detecting functional divergence at individual codon sites, with application to gene family evolution. *J Mol Evol*. 2004 Jul;59(1):121-32.
- c) Recursos adicionales  
[Datacamp](#), [Codecademy](#), [Coursera](#) y [Rosalind](#) tienen cursos gratuitos sobre la línea de comandos, el lenguaje de programación Python y el ambiente de cálculo estadístico R.

Modalidad cursada: presencial

Metodología de enseñanza: taller teórico/práctico, integrando discusión de lecturas, ejercicios y análisis de datos. Los estudiantes tendrán asignado un caso de estudio (una familia multigénica) para desarrollar durante el curso.

Requerimientos: Se espera que los estudiantes dispongan de una computadora personal con acceso a una terminal con línea de comando tipo Linux, que están ya disponibles en las versiones actuales de Windows y OS.

Carga horaria total: 30 horas.

Carga horaria detallada:

- a) Horas aula de clases teóricas: 10
- b) Horas aula de clases prácticas: 20
- c) Horas sugeridas de estudio domiciliario: 30

Sistema de ganancia de unidad curricular:

Tiene examen final (Si)

Se exonera (si)

Nota de exoneración. 6

Características de la evaluación:

- Escrita (trabajo final) 100%

Porcentaje de asistencia requerido para aprobar la unidad curricular: 80%

Puntaje mínimo de cada evaluación y total:

- Mínimo para aprobar trabajo final. 65%