

# Informe para la evaluación de las prácticas de Genética Forestal

1. Rellene la tabla con información básica sobre el conjunto de datos analizado:

Nombre y apellidos del alumno/a que analiza los datos	
Nombre del fichero de datos	
Especie	
Nº de poblaciones	
Nº medio de individuos por población	
Escala geográfica (Local, Regional)	
Nº de marcadores analizado	

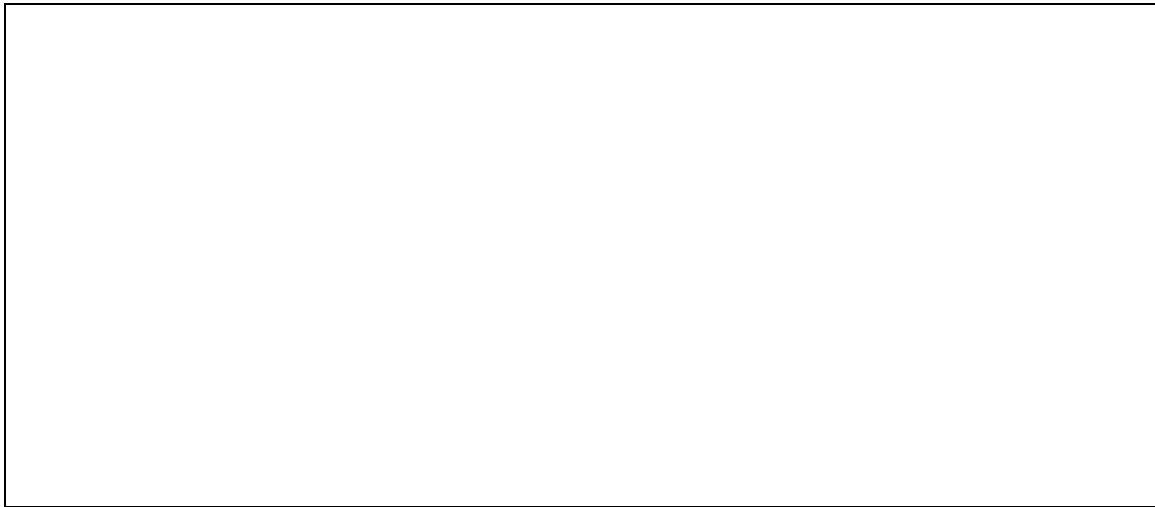
2. Chequee que los datos están en el formato de GenAlex correcto y corrija los datos erróneos. Indique el porcentaje de datos perdidos por locus y población. ¿Ha tenido que eliminar los datos de algún marcador o individuo? Justifique por qué:

--

3. Señale para qué poblaciones y loci se puede asumir equilibrio de Hardy-Weinberg. Justifique brevemente los resultados obtenidos

--

**4. Indique en una tabla el número de alelos de cada locus para cada población por separado y para el conjunto de poblaciones y represente gráficamente los patrones alélicos entre poblaciones:**

A large empty rectangular box with a black border, intended for the student to draw or create a table for the allelic patterns across populations.

**5. Indique en una tabla los parámetros de diversidad medios obtenidos para cada población (Na,Ne,I,Ho,He,uHe y F):**

A large empty rectangular box with a black border, intended for the student to draw or create a table for the average diversity parameters for each population.

A la luz de estos resultados, señale y justifique cuál sería la población más diversa y por qué. ¿Qué conclusión puede extraer de los valores del coeficiente de endogamia en cada población?

6. Calcule la distancia genética entre individuos de todas las poblaciones y represente gráficamente los resultados de un análisis de coordenadas principales (PCoA) (coord1 vs. coord2). Utilice un color diferente para representar los individuos de cada población. Interprete los resultados obtenidos

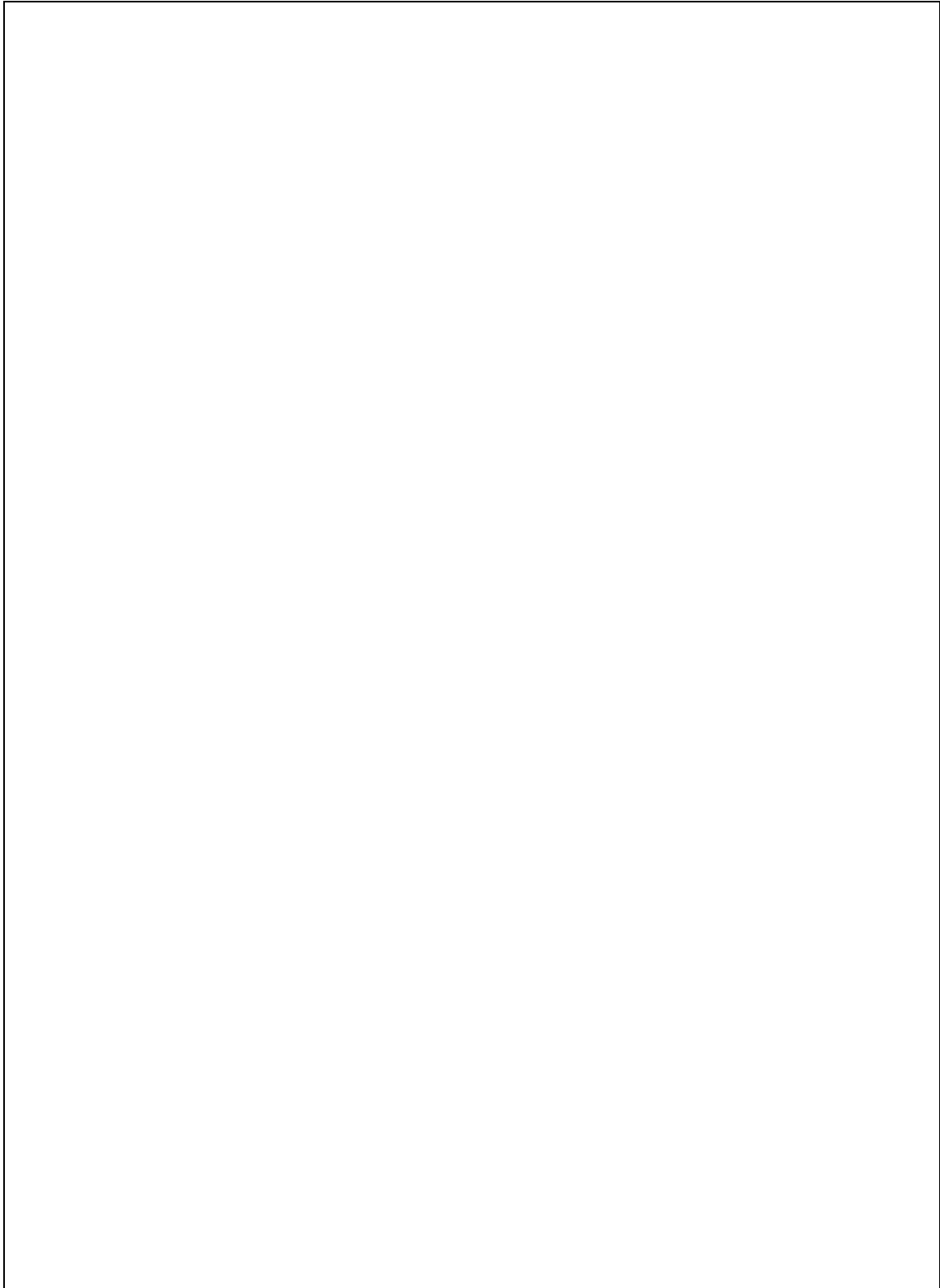
**7. Calcule las matrices de distancia de Nei y de  $F_{st}$  entre pares de poblaciones y represente gráficamente los resultados mediante un PCoA. Interprete los resultados en relación con los obtenidos en el punto 6 (concordancia de resultados, proporción de varianza explicada en cada eje, etc.)**



**8. Elabore una tabla resumen de un análisis molecular de la varianza (AMOVA) y explique cómo se produce la partición de la diversidad genética entre y dentro de poblaciones (y/o regiones, en su caso), justificando los resultados obtenidos.**

**9. En el caso de que sea pertinente, realice un test estadístico para testar la hipótesis de aislamiento por distancia (IBD). Indique los resultados del test. A la luz de los mismos, ¿puede inferirse que existe algún tipo de estructura genética espacial a escala global? En el caso de que no pueda testar la hipótesis de IBD en su caso, justifique por qué no ha podido hacerlo.**

**10. Genere ficheros de datos para cada población por separado y calcule las distancias genéticas y geográficas entre individuos en cada una de las poblaciones. Realice un análisis espacial a escala local y represente los resultados gráficamente.**



**Justifique el número y amplitud de las clases de distancias seleccionadas.**

**¿Existen diferencias en la estructura genética local entre poblaciones? Justifique los resultados obtenidos en su caso concreto.**

**11. Discuta de forma global los resultados obtenidos en relación al enunciado del caso práctico teniendo en cuenta aspectos referidos al marco geográfico, la biología de las especies analizadas, el posible manejo antrópico, etc.**