



# MET AMAZON

PROGRAMA  
1-5 Julio 2024

## Contactos

### **Carmen Rosa García Dávila**

Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana (IIAP)

Correo electrónico: [presidencia@iip.gob.pe](mailto:presidencia@iip.gob.pe)

### **Darío Acha**

Universidad Mayor de San Andrés (UMSA)

Correo electrónico: [dacha@fcpn.edu.bo](mailto:dacha@fcpn.edu.bo)

### **David José de la Cruz Lopez**

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

Correo electrónico: [ddelacruz@mendoza-conicet.gob.ar](mailto:ddelacruz@mendoza-conicet.gob.ar)

### **Dirk Steinke**

Universidad de Guelph (UoG)

Correo electrónico: [dsteinke@uoguelph.ca](mailto:dsteinke@uoguelph.ca)

### **Frédéric Veyrunes**

Centro Nacional de Investigación Científica (CNRS)

Correo electrónico: [frederic.veyrunes@umontpellier.fr](mailto:frederic.veyrunes@umontpellier.fr)

### **Guido Miranda**

Wildlife Conservation Society (WCS)

Correo electrónico: [gMiranda@wcs.org](mailto:gMiranda@wcs.org)

### **Guillain Estivals**

Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana (IIAP)

Correo electrónico: [gestivals@iip.gob.pe](mailto:gestivals@iip.gob.pe)

### **Mélanie Roy**

Universidad Toulouse 3 – Paul Sabatier (UT)

Correo electrónico: [melanie.roy@ird.fr](mailto:melanie.roy@ird.fr)

### **Nicolas Hubert**

Instituto de investigación para el desarrollo (IRD)

Correo electrónico: [nicolas.hubert@ird.fr](mailto:nicolas.hubert@ird.fr)

### **Nora Scarcelli**

Instituto de investigación para el desarrollo (IRD)

Correo electrónico: [nora.scarcelli@ird.fr](mailto:nora.scarcelli@ird.fr)

### **Pierre-Henri Fabre**

Universidad de Montpellier (UM)

Correo electrónico: [pierre-henri.fabre@umontpellier.fr](mailto:pierre-henri.fabre@umontpellier.fr)

### **Thomas Couvreur**

Instituto de investigación para el desarrollo (IRD)

Correo electrónico: [thomas.couvreur@ird.fr](mailto:thomas.couvreur@ird.fr)

**Lunes 1 Julio – 9:00 hasta 13:00**

## **MODULO 1 – Introducción general**

Esta sesión de capacitación se centra en el uso de códigos de barras de ADN o DNA barcoding y los enfoques orientados a secuenciación Sanger. Este módulo introductorio proporcionará una descripción general de los códigos de barras, desde sus fundamentos hasta una diversidad de aplicaciones, con énfasis en aplicaciones orientadas al desarrollo de bibliotecas de referencia y a la estimación de la congruencia entre delimitaciones de especies basadas en morfología y basadas en secuencias de ADN para la identificación molecular de especímenes desconocidos.

**Introducción general de la semana de cursos (*Nora Scarcelli, Mélanie Roy, Carmen García Dávila, Nicolas Hubert*)**

**Lunes 1 Julio 2024 9:00-9:10 (GMT-5h, lima)**

Una presentación de los módulos, objetivos y estadísticas sobre participantes.

**Lectura 1 "Introducción general a los códigos de barra de ADN" (*Nicolas Hubert*)**

**Lunes 1 Julio 2024 9:10-10:50 (GMT-5h, lima)**

Presentación de los códigos de barras de ADN, los principios de estandarización, accesibilidad y repetibilidad, el desarrollo de BOLD para abordar estos nuevos requisitos, cómo funcionan los códigos de barras de ADN, la diferencia entre delimitación de especies e identificación de especímenes, la estructura de una biblioteca de referencia de códigos de barras de ADN.

**Pausa 10 minutos**

**Lectura 2 "Códigos de barra de ADN – principios generales y estrategias" (*Mélanie Roy, Darío Acha, David José de la Cruz Lopez*)**

**Lunes 1 Julio 2024 11:00-12:30 (GMT-5h, lima)**

Presentación del concepto de código de barras de ADN, fundamentos de su desarrollo, elección de marcadores según los principales reinos del árbol de la vida, implementación del enfoque.

**Preguntas**

**Lunes 1 Julio 2024 12:30-13:00 (GMT-5h, lima)**

Preguntas sobre lecturas 1 y 2.

**Martes 2 Julio – 9:00 hasta 13:00**

## **MODULO 2 – Reconstrucción filogenética**

Varios métodos de delimitación de especies utilizando secuencias de ADN (es decir, códigos de barras de ADN) se basan en algoritmos que dependen de reconstrucciones filogenéticas. Este paso suele limitar el uso de métodos de delimitación de especies para muchos usuarios potenciales. El objetivo de este módulo es brindar una comprensión básica de cómo funciona la reconstrucción filogenética, cuáles son los conceptos subyacentes a la construcción del árbol filogenético y todos los pasos entre la adquisición de secuencias de ADN y el árbol filogenético reconstruido final. El módulo también ofrece una cierta comprensión de cómo evolucionan las secuencias de ADN y cómo se explica esta evolución mediante métodos de reconstrucción filogenética.

**Lectura 3 “Introducción a la reconstrucción filogenética” (Thomas Couvreur, Pierre Henri Fabre)**

**Martes 2 Julio 2024 9:00-10:50 (GMT-5h, lima)**

Introducción del principio de descendencia con modificación, desarrollo temprano de la filogenética, conceptos filogenéticos (homología, analogía, clados, grados, monofilia, parafilia, polifilia, plesiomorfía, apomorfía, sinapomorfía, convergencia), algoritmo de reconstrucción filogenética (modelo basado en distancia vs. modelos vs parsimonia), cómo polarizar caracteres (grupos externo).

**Pausa 10 minutos**

**Lectura 4 “Principios generales de reconstrucción filogenética” (Pierre-Henri Fabre, Thomas Couvreur)**

**Martes 2 Julio 2024 11:00-12:30 (GMT-5h, lima)**

Introducción al alineamiento de secuencias de ADN, cómo se reconocen las homologías, distancias genéticas y modelos de sustitución, algoritmos de reconstrucción filogenética, cómo elegir y por qué utilizar grupos externos, conocidos artefactos de reconstrucción.

**Preguntas**

**Martes 2 Julio 2024 12:30-13:00 (GMT-5h, lima)**

Preguntas sobre lecturas 3 y 4.

**Miércoles 3 Julio – 9:00 hasta 13:00**

### **MODULO 3 – Delimitación de especies**

El uso de códigos de barras de ADN para asignar especímenes desconocidos a especies conocidas se basa en la suposición de que se conocen los límites genéticos de las especies y que las genealogías genéticas coinciden con los límites de las especies. Este módulo introducirá primero el principio general de la genética de poblaciones, para comprender cómo evoluciona la diversidad genética en la frontera entre poblaciones y especies, y cómo se delimitan las especies con datos moleculares y morfológicos.

#### **Lectura 5 “Principios de genética de las poblaciones” (Guillain Estivals)**

**Miércoles 3 Julio 2024 9:00-10:50 (GMT-5h, lima)**

Una introducción a la genética de las poblaciones, cómo evolucionan las frecuencias alélicas (equilibrio HW), las consecuencias de la mutación en las poblaciones, la deriva genética, el concepto de tamaño efectivo de la población.

**Pausa 10 minutos**

#### **Lectura 6 “Principios de evolución molecular, teoría neutral de evolución molecular y delimitación de especies” (Nicolas Hubert)**

**Miércoles 3 Julio 2024 11:00-12:30 (GMT-5h, lima)**

Dinámica de mutación/sustitución, introducción a la teoría de la coalescencia, evolución de la diversidad genética en la frontera especie/población, cómo se utilizan secuencias para delimitar especies.

#### **Preguntas**

**Miércoles 3 Julio 2024 12:30-13:00 (GMT-5h, lima)**

Preguntas sobre lecturas 5 y 6.

## Jueves 4 Julio – 9:00 until 13:00

### **Lectura 7 "Delimitar especies" (Guillain Estivals, Frédéric Veyrunes, Pierre-Henri Fabre, Darío Acha)**

**Jueves 4 Julio 2024 9:00-12:00 (GMT-5h, lima)**

Cómo se utilizan los datos alélicos para detectar barreras al flujo de genes (estructura poblacional), cuál es la contribución de la citogenética en la delimitación de especies (reordenamientos cromosómicos), cuáles son las estrategias modernas para caracterizar fenotipos y cómo se implementan estos enfoques en los microorganismos.

**9:00-9:45** – Delimitar especies con datos alélicos (Guillain Estivals)

**9:45-10:30** – Delimitar especies con datos citogenéticos (Frédéric Veyrunes)

**10:30-10:45** – Pausa

**10:45-11:30** – Delimitar especies con datos morfológicos (Pierre-Henri Fabre)

**11:30-12:15** – Delimitar especies en microorganismos (Darío Acha)

### **Preguntas**

**Jueves 4 Julio 2024 12:15-13:00 (GMT-5h, lima)**

Preguntas sobre lectura 7

## Friday 5 July – 9:00 until 13:00

### **Lectura 8 "Introducción a BOLD" (Dirk Steinke)**

**Viernes 5 Julio 2024 9:00-10:50 (GMT-5h, lima)**

Cuál es el propósito del Barcode of Life Datasystem (BOLD), por qué se creó, cómo funciona, cuáles son los elementos de un registro de código de barras de ADN, presentación de las herramientas en línea para analizar datos de códigos de barras y curación colectiva de registros.

**Pausa 10 minutos**

### **Lectura 9 "Uso de códigos de barra de ADN para delimitar especies y identificar especímenes desconocidos" (Darío Acha, Guido Miranda)**

**Viernes 5 Julio 2024 11:00-12:30 (GMT-5h, lima)**

Algunos ejemplos prácticos para vertebrados y microorganismos.

**11:00-11:45** – Ejemplos en vertebrados (Guido Miranda)

**11:45-12:30** – Ejemplos en microorganismos (Darío Acha)

### **Preguntas**

**Viernes 5 Julio 2024 12:30-13:00 (GMT-5h, lima)**

Preguntas sobre lecturas 8 and 9