



Universidad  
de Alcalá



Universidad  
Complutense  
Madrid

# GUÍA DOCENTE

## Diversidad Genética y Estructura de la Población

**Máster Universitario en Antropología Física:  
Evolución y Biodiversidad Humanas**

**Universidad de Alcalá  
Universidad Autónoma de Madrid  
Universidad Complutense de Madrid**

**Curso Académico 2018/19**

**2º Cuatrimestre**

## 1. ASIGNATURA / COURSE TITLE

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN

### 1.1. Código / Course number

UCM: 608045; UAM: 31925; UAH; 201361

### 1.2. Materia / Content area

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN

### 1.3. Tipo / Course type

OPTATIVA

### 1.4. Nivel / Course level

Máster / Master

### 1.5. Curso / Year

Primero (único) / 1<sup>st</sup>

### 1.6. Semestre / Semester

2º SEMESTRE

### 1.7. Idioma / Language

ESPAÑOL

### 1.7. Número de créditos / Credit allotment

5 ECTS

### 1.8. Requisitos previos / Prerequisites

Según la formación previa del estudiante, la Comisión de Coordinación Docente Interuniversitaria del Máster podrá determinar la obligatoriedad de cursar Complementos de Formación.

Se requiere tener conocimientos de genética y genética de poblaciones humanas

## 1.9. Requisitos mínimos de asistencia a las sesiones presenciales / **Minimum attendance requirement**

Dado que parte de la valoración del rendimiento del estudiante se realizará a través su actitud en clase, se considera indispensable, como mínimo, una asistencia a clases teóricas del 80% y del 100% en las clases prácticas.

## 1.10. Datos del equipo docente / **Faculty data**

Docente(s) / **Lecturer(s)**: Antonio González-Martín

Departamento de / **Department** Biodiversidad, Ecología e Evolución

Facultad / **Faculty**: Biología

Despacho - Módulo / **Office - Module**: Planta 8ª, nº 11

Teléfono / **Phone**: 913945137

Correo electrónico/**Email**: antonio@ucm.es

Horario de atención al alumnado/**Office hours**:

## 1.11. Objetivos del curso / **Course objectives**

El objetivo es aportar información -teórica y práctica- sobre el origen de la diversidad genética de *Homo sapiens*, y de otros primates, así como de los procesos adaptativos más importantes que se han producido a lo largo de su historia evolutiva. El enfoque se realizaría prestando especial énfasis a las técnicas genómicas de vanguardia (NGS – *New Generation Sequencing*).

### **a) Competencias específicas:**

Conocer en profundidad los marcadores genéticos y moleculares más importantes, su diferente naturaleza y su empleo en el terreno general del conocimiento de la evolución, origen y expansión planetaria de *Homo sapiens*, en la estimación de su actual diversidad genética y en procesos médico-legales y forenses relativos a la identificación individual y la reconstrucción de linajes.

- Conocer los marcadores moleculares más importantes que permiten estimar la diversidad genética de *Homo sapiens*.
- Ser capaces de entender el origen de la diversidad humana actual, su historia y los mecanismos que la han modelado así como evaluar, de forma crítica, la información procedente de fuentes científicas.
- Estar al corriente, e informados, de los últimos adelantos y de las propuestas vanguardistas que se están realizando sobre el proceso evolutivo de los homínidos, específicamente de nuestra especie.
- Interpretar la información genética y genómica en el terreno general de la evolución y en el específico del origen y expansión del hombre.
- Conocer los principios en los que se fundamentan los marcadores genéticos individuales y su aplicación médico-legal y forense en el terreno de la identificación individual y de la reconstrucción de linajes.
- Conocer los principios en los que se fundamentan la epidemiología genética y sus implicaciones biosanitarias.
- Entender las bases moleculares de las enfermedades genéticas y su sentido evolutivo.

**b) Resultados específicos:**

- Los alumnos deberán de ser capaces de discriminar la diferente naturaleza de los marcadores genéticos, así como de su aplicación en el terreno de la evolución humana y de la biomedicina.
- Deberán de ser capaces de interpretar la información molecular, y la diversidad humana, en el ámbito geográfico (espacial) y temporal.
- Deberán de entender la interrelación entre el genoma de *Homo sapiens* y su dinámica específicamente la relacionada con el hombre-medio y la selección natural.
- Adquirir la capacidad de interpretar las señales moleculares dejadas por la presión de agentes patógenos en el transcurso de nuestro proceso evolutivo.
- Adquirir los conocimientos suficientes para analizar la información genética desde una perspectiva forense, así como de valorar las implicaciones legales y éticas de su utilización.
- Deberán de adquirir la capacidad de búsqueda y explotación de los recursos *online* y de los softwares específicos más utilizados.
- Comprender la potencia que tienen las técnicas de secuenciación masiva de última generación (NGS) y sus aplicaciones e implicaciones en el campo de la evolución humana.

## 1.13. Contenidos del programa / Course contents

### I. MARCADORES GENÉTICOS Y MÉTODOS INTERPRETATIVOS

- **Marcadores moleculares.** Marcadores clásicos, cromosoma Y, ADN mitocondrial y marcadores autosómicos: *Short Tandem Repeat (STRs)*, Inserciones *Alu*, *Single Nucleotide Polymorphisms (SNP)*, *Informative Markers Ancestry (AIMs)*. Barridos genómicos y secuenciación masiva. De la genética a la genómica.
- **Métodos para la interpretación de datos moleculares.** Índices de diversidad. Distancias genéticas ( $F_{ST}$ ), Análisis de componentes principales (ACP), Multidimensional Scaling (MDS), Redes de haplotipos (*Networks*). Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA). Métodos filogenéticos y estima de la selección natural.

### II.- GENÉTICA EVOLUTIVA HUMANA

- **Evolución molecular de los homínidos.** Filogenia molecular de primates. Genómica evolutiva. Explorando el genoma de los homínidos: el hombre como primate. La diversidad humana desde una perspectiva genómica.
- **Paleogenética y paleogenómica.** ADN antiguo (aDNA) y secuenciación de genomas extintos. Proyecto genómicos: grandes simios, genoma neandertal, genoma humano, 1000 genomas. El genoma de los Denisovanos. El árbol evolutivo humano bajo una perspectiva genómica. Genes bajo presión selectiva. Los genes que nos hacen humanos.
- **Origen de *Homo sapiens*.** Teoría multi-regional vs *Out of Africa*, evidencias genéticas a través del estudio de poblaciones actuales. Distribución de la diversidad genética humana. Origen y expansión continental de *Homo sapiens* y las colonizaciones insulares. El último máximo glacial y su relación con la distribución de *Homo sapiens*. El Neolítico: agricultura y expansión. Mezcla y migraciones históricas.
- **Poblaciones singulares y aislados genéticos.** La colonización de la Península Ibérica y la cuenca mediterránea. Origen y expansión del pueblo Romaní. Los judíos askenazi. La compleja historia genética de Euskadi. Aislados geográficos y religiosos.

### III.- APLICACIONES BIOMÉDICAS, ANTROPOLÓGICAS Y FORENSES EN LA EXPLORACIÓN DEL GENOMA HUMANO

- **Bases genéticas de las enfermedades humanas.** Enfermedades genéticas mendelianas: causas evolutivas y presión selectiva. Enfermedades genéticas complejas: distribución geográfica e identificación de alelos implicados.

- **Identidad e identificación.** Aplicaciones de los polimorfismos de ADN en Medicina Legal y Forense. Diagnóstico de paternidad. Reconstrucción de genealogías y relaciones de parentesco. Aplicaciones antropológicas.

### PRÁCTICAS

- **New generation sequencing (NGS).** Archivos de salida de la secuenciación masiva, exploración de datos y análisis de calidad. Visores genómicos. Repositorios de datos genómicos. Conexión a un servidor remoto y comandos en línea.
- **Análisis de mestizaje (ADMIXTURE) y estudios de asociación (genotipo-fenotipo)**
- **Exploración y análisis de la diversidad genómica humana.** Alineamiento, *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP), diversidad genómica, Análisis de Componentes Principales (ACP) y Desequilibrio de ligamiento (LD).

## 1.14. Referencias de consulta / [Course bibliography](#)

### **BIBLIOGRAFÍA GENERAL**

- Boyd R, Silk JB. 2001. Cómo evolucionaron los humanos. Ariel ciencia. Barcelona
- Fondevila A, Moya A. 2003. Evolución. Origen, adaptación, y divergencia de las especies. Editorial Síntesis. Barcelona
- France DL. 2009. Forensic Anthropology. In M.-H. Education, Encyclopedia of Science and Technology vol. 2. New York: McGraw-Hill.
- Freeman S, Herron JC. 2002. Análisis evolutivo. Prentice Hall.
- Jobling MA, Hurles ME, Tyler-Smith 2004. Human Evolutionary Genetics. Origins, Peoples and Diseases. Garland Science. Cambridge. UK
- Jurmain R, Kilgore L, Trevathan W. 2009. Essentials of Physical Anthropology. Wadworth Cengage Learning. Belmont
- Soler M (Ed). 2002. Evolución. La base de la Biología. Proyecto Sur de Ediciones. Barcelona.
- Tuttle RH. 2009. Physical Anthropology. In: M.-H. Education, Encyclopedia of Science and Technology vol. 2. McGraw-Hill. New York
- Vellard J. (1959). Manual de la Antropología Física. Publicaciones del Instituto Riva Agüero. Lima.

### **REVISTAS DE REFERENCIA**

*American Journal of Human Genetics*  
*American Journal of Physical Anthropology*  
*Annals of Human Genetics*  
*Anthropology Human Molecular Genetics*  
*BMC Evolutionary Genetics*  
*Current Biology*  
*European Journal of Human Genetics*  
*Forensic Science International*  
*Genome Research*  
*Nature*  
*PLoS ONE*  
*PLoS Genetics*  
*Processing of National Academy of Science*  
*Science*

### **RECURSOS ONLINE**

<http://www.becominghuman.org/>  
<http://humanorigins.si.edu/>  
<http://eurotast.eu/>  
<http://www.eupedia.com/genetics/>  
[https://www.sciencedaily.com/news/fossils\\_ruins/anthropology/](https://www.sciencedaily.com/news/fossils_ruins/anthropology/)  
<https://www.genome.gov/>  
<http://browser.1000genomes.org/index.html>

## **2. Métodos docentes / Teaching methodology**

La docencia se centrará en clases teóricas (27h) y prácticas (8h); un total de 35 horas se dedicarán a la docencia con carácter presencial.

La actividad docente se complementará con la elaboración de un dossier de los conocimientos adquiridos en las clases teórico-prácticas. Para su desarrollo el profesor aportará la información necesaria para la búsqueda de bibliografía así como las herramientas precisas para su desarrollo.

Este trabajo personal permitirá al alumno familiarizarse con la metodología científica, la problemática que se plantea en el uso de bases de datos en genética de poblaciones humanas y el manejo de programas concretos de análisis estadísticos que, en algunos casos, son exclusivos de esta disciplina.

### 3. Tiempo de trabajo del estudiante / Student workload

		Nº de horas	Porcentaje
Presencial	Teoría	27	40h
	Prácticas	8	
	Tutorías	3	
	Examen	2	32%
No presencial	Revisión y lectura de artículos	40	85h
	Preparación de las prácticas	30	68%
	Preparación del examen	15	
<b>Carga total de horas de trabajo: 25 horas x 5 ECTS</b>		<b>125 h</b>	

### 4. Métodos de evaluación y porcentaje en la calificación final / Evaluation procedures and weight of components in the final grade

La evaluación se centrará en tres aspectos fundamentales:

1. Las prácticas son de gran interés ya que durante su desarrollo la relación profesor alumno es muy cercana, por lo tanto, se valorará positivamente la participación activa de los alumnos. El alumno deberá de presentar un dossier de prácticas al final del curso. La actitud y el guion de prácticas tendrán un valor del 30% de la nota final.
2. La actitud activa y crítica en las clases es un punto fundamental en el aprendizaje. Esta actividad se valorará mediante un seminario, el alumno tendrá que exponer y defender un artículo. Por este motivo la intervención del alumno se considerará en la nota final (10%) y se.
3. Las clases teóricas se fundamentarán en una serie de contenidos resumidos en la guía de la asignatura. La idea es que los alumnos, al margen de los conocimientos básicos, adquieran capacidades sobre la estructura de los artículos científicos y la lógica deductiva de estos. El examen consistirá en el análisis de un artículo de interés en el ámbito de la genética evolutiva humana. Dicha prueba específicamente consistirá en re-escribir el título, resumen y conclusiones de un trabajo al que previamente se les habrá eliminado dichos contenidos. El valor total de este apartado será de un 60% de la nota final.



Asignatura: Diversidad Genética y Estructura de la Población  
Código: 608045 (UCM) – 31925 (UAM) – 201361 (UAH)  
Centro: Universidad Complutense de Madrid. Dpto. Biodiversidad, Ecología y Evolución  
Titulación: Máster en “Antropología Física: Evolución y Biodiversidad Humanas”  
Nivel: Máster  
Tipo: Optativa  
Nº de créditos: 5 ECTS

## 5. Cronograma\* / [Course calendar](#)

La información específica se recoge anualmente en el calendario académico.