

PROGRAMA ANALÍTICO DE GENÉTICA EVOLUTIVA

1. Datos de identificación:	
• Nombre de la institución y de la dependencia	Universidad Autónoma de Nuevo León Facultad de Ciencias Biológicas
• Nombre de la unidad de aprendizaje	Genética evolutiva
• Horas aula-teoría y/o , totales	72
• Horas extra aula totales	18
• Modalidad	Escolarizada
• Tipo de periodo académico	Semestre 8
• Tipo de Unidad de aprendizaje	Optativa VIII
• Área Curricular	ACFP
• Créditos UANL	3
• Fecha de elaboración	10/11/2011
• Fecha de última actualización	07/09/2016
• Responsable (s) del diseño:	Dr. Ricardo Canales del Castillo

2. Presentación:

La genética evolutiva consiste en el estudio de los patrones y procesos evolutivos que dieron lugar a la variabilidad. Para su estudio se pueden considerar dos aproximaciones, mediante la comparación genómica entre diversos organismos o la comparación de uno o varios locus, el primero permitiría describir la evolución, mientras que con el segundo se pueden describir procesos tanto microevolutivos (genética de poblaciones, historia demográficas) como macroevolutivos (filogenias).

La UA de Genética Evolutiva se encuentra dentro del plan curricular de Licenciado en Biología como de libre elección y tiene como finalidad que el estudiante tenga una perspectiva general de los mecanismos evolutivos a nivel molecular. Para lograr lo anterior, la UA se ha estructurado en tres fases: (1) Variación genética, (2) Dinámica de los alelos en poblaciones, y (3) Inferencias de historia evolutivas a escalas de genes, poblaciones y especies.

3. Propósito(s)

En esta unidad de aprendizaje el alumno desarrollará las habilidades para los análisis retrospectivos y prospectivos de los factores evolutivos sobre la variación genética entre y dentro de las poblaciones. Esta unidad de aprendizaje tendrá énfasis en la genética evolutiva que pretende aplicar los métodos y los análisis para el estudio y comprensión del cambio de las características heredables a través del tiempo. Asimismo se contempla que el estudiante adquiera las habilidades para analizar los polimorfismos de las secuencias de DNA y rasgos genéticos a través del uso de paquetes computacionales. Durante sus estudios el alumno ha tomado cursos de Genética, Biología Celular, Biología Molecular, Sistemática, Evolución; esta unidad de aprendizaje proporcionara la manera aplicada de diversas técnicas destinadas al estudio de la sistemática evolutiva y es la culminación de una línea de interés de los alumnos.

Esta unidad contribuye para el desarrollo de las competencias donde se aplican los métodos y técnicas tradicionales y de vanguardia en investigación para el desarrollo de su trabajo, interviene frente a los retos de la sociedad actual y será capaz de construir propuestas innovadoras para superar los retos del ambiente global. Con esta unidad de aprendizaje se sentaran las bases para que el estudiante pueda elaborar esquemas y/o procesos biológicos ambientales y sociales que permitan un desarrollo sustentable.

4. Enunciar las competencias del perfil de egreso

a. Competencias Generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje

- Utilizar los métodos y técnicas de investigación tradicionales y de vanguardia para el desarrollo de su trabajo académico, el ejercicio de su profesión y la generación de conocimientos (8).
- Intervenir frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y global con actitud crítica y compromiso humano, académico y profesional para contribuir a consolidar el bienestar general y el desarrollo sustentable. (10).
- Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente (12).

b. Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje

- Elaborar esquemas y/o procesos biológicos ambientales y sociales a través de metodologías que conlleven a la preservación de los ecosistemas para el desarrollo sustentable de la sociedad.

5. Representación gráfica:

Reconocer la importancia de la variación genética en el contexto evolutivo



Diferenciar el papel de las fuerzas evolutivas en la dinámica de los alelos en poblaciones



Examinar la historia evolutiva a diferentes escalas; Genes, Poblaciones y Especies

PIA:

Presentación de los resultados y conclusiones del análisis en tres escalas de evolución de un locus



6. Estructuración en capítulos, etapas, o fases, de la unidad de aprendizaje

Fase 1: Importancia de la variación genética en el contexto evolutivo

(1) Elementos de competencias.

Identificar la importancia de la variación genética en el contexto evolutivo a partir de la comprensión de los cambios en caracteres genéticos, a fin de evaluar la variación genética.

Evidencias de aprendizaje (2)	Criterios de desempeño (3)	Actividades de aprendizaje (4)	Contenidos (5)	Recursos (6)
<p>Reporte de Practica 1: Estimación de polimorfismos en secuencias de DNA (DNASp, Arlequin, Mega, PopArt).</p>	<ul style="list-style-type: none"> Asistir a la sesión 1 y seguir en equipo las instrucciones de la misma. Entregar en equipo el reporte de la impreso. El reporte debe incluir introducción, objetivo, hipótesis resultados, cuestionario, discusión y conclusión con base a la hipótesis planteada y la consulta de literatura 	<p>Exposición de información acerca de la UA introduciéndolo al propósito y las fases de la misma, así como, la forma de evaluar y los lineamientos generales de la clase.</p> <p>El estudiante atiende a las indicaciones hechas por el docente y toma nota de las actividades y productos que deberán entregarse durante la Fase I.</p> <p>Activación mediante proyección de imágenes, preguntas intercaladas y lluvia de ideas, de los</p>	<p>I.-Historia de la evolución y la herencia genética.</p> <ul style="list-style-type: none"> Historia de la genética Del Darwinismo a la teoría neutral. <p>II. Variación y estimación de la diversidad genética.</p> <ul style="list-style-type: none"> Variación genética. Variación genética en las poblaciones naturales Generación de la variación por mutación y recombinación 	<ul style="list-style-type: none"> Equipo Multimedia Programas: -Estimación de polimorfismos en secuencias de DNA: DnaSp, Arlequin, Mega, PopArt Pintarrón Marcadores Fuentes bibliográficas (libros de la biblioteca y/o electrónicos)

	<p>pertinente.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El documento impreso se elaborará en un procesador de textos, utilizando una fuente Times New Roman, Arial, con un espacio y medio en el interlineado. • El documento incluye portada con los datos de la institución y de identificación del equipo que llevó a cabo la . 	<p>conocimientos previos de evolución, sistemática, genética y la importancia de estas en su programa curricular, promoviendo y moderando en todo momento la participación de los estudiantes.</p> <p>En las sesiones posteriores se exponen los contenidos de la Fase 1 acerca de desde una perspectiva histórica sobre la genética y las corrientes evolutivas. Además de instruir en la importancia de la variación de la diversidad genética y los métodos para estimarla. El estudiante toma nota de los contenidos expuestos.</p> <p>El docente proporciona el protocolo de la actividad <i>Estimación de polimorfismos en</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> • Descripción de la variación genética • Marcadores moleculares • Estimación de la diversidad en secuencias de DNA 	
--	--	--	--	--

		<p><i>secuencias de DNA.</i></p> <p>Dicha se desarrollara en cuatro sesiones, en la primera el docente introduce a los objetivos de la misma y el estudiante descarga secuencias, las cuales serán editadas, alineadas y analizadas para formar grupos de secuencias.</p> <p>El estudiante trabajará de manera individual o grupal, dependiendo de los recursos de informáticos de cómputo disponibles. Para esta consultarán la base de datos del banco de genes (GenBank) para archivos con secuencias, además utilizarán los programas Mega y DnaSp. El estudiante aprenderá los distintos formatos de los archivos de secuencias tales como; fasta, mega, Nexus y Philip.</p>		
--	--	---	--	--

		<p>Durante la segunda sesión y partiendo de los resultados de la sesión 1, los estudiantes obtendrán estimadores de diversidad genética, tales como: Distancias intraespecíficas, interespecíficas, número de sitios segregativos, diversidad haplotípica y nucleotídica.</p> <p>En la tercera sesión los alumnos utilizarán el software Arlequin para realizar análisis simultáneos de diversidad genética.</p> <p>Durante la cuarta sesión aprenderá a representar los valores de diversidad genética como frecuencias de haplotipos con una referencia espacial con los programas Arlequin y PopArt.</p> <p>El docente explica los criterios de evidencia de aprendizaje incluida en</p>		
--	--	---	--	--

<p>PPA1: Reporte de Practica 1. Análisis de polimorfismos.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Elaboración del reporte que incluye los loci elegidos para su análisis • El documento es el resultado del análisis de polimorfismos de los loci seleccionados. • La selección de 	<p>el portafolio de s de laboratorio como 1, donde el estudiante deberá elaborar un reporte incluyendo los resultados obtenidos durante las cuatro sesiones s. Dichos resultados serán discutidos en base a información obtenida a partir de diferentes fuentes bibliográficas que el estudiante deberá consultar.</p> <p>El docente explica los elementos del PPA1 e indica la rúbrica para el mismo haciendo recomendaciones acerca de los análisis que deberá realizar. Forma los equipos de trabajo de acuerdo a la cantidad de estudiantes durante el curso con un máximo de tres integrantes por equipo.</p>		
---	--	--	--	--

	<p>los loci, su análisis y posterior elaboración del documento de avances (PPA1) se realizará en equipos si el número total de alumnos rebasa los 15 alumnos, de otro manera será individual.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El formato de dicho documento será realizado en un procesador de texto utilizando una fuente Times New Román, Arial con un espacio y medio en el interlineado. • La entrega del PPA1 será vía electrónica a través de la plataforma Nexus. 	<p>En equipos de trabajo, los estudiantes realizan una búsqueda y recopilan datos en diferentes artículos científicos y del banco de genes dos locus, uno de ellos codificante y el otro no codificante, a fin de utilizarlos como de modelo de estudio en el contexto de genética evolutiva.</p> <p>A partir de la selección de los loci tendrán que definir los programas que utilizarán para el análisis de polimorfismos. Estos análisis podrán realizarse en la sesión restante a fin de que el docente monitoree el avance y atienda las dudas por parte de los equipos.</p> <p>Con los resultados y la búsqueda bibliográfica, realizan un documento</p>		
--	---	---	--	--

<p>I.II Examen teórico (primer parcial)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Asistencia mínima del 80% en las fechas y horarios establecidos por el departamento de escolar y archivo de la Facultad de Ciencias biológicas • Haber entregado los reportes del portafolio de evidencias con la 1. • Calificación mínima aprobatoria de 70 puntos (en una escala de 0 a 100). 	<p>incluyendo lo más relevante de cada uno de los puntos mencionados. Una vez terminado y habiéndose cumplido la rúbrica del PPA1, el documento se envía vía electrónica al docente para su revisión, respetando las indicaciones que este haga al respecto.</p>		
---	---	--	--	--

--	--	--	--	--

Fase 2: Dinámica de los alelos en poblaciones

(1) Elementos de competencias.

Identificar las fuerzas evolutivas en los loci, a partir del análisis de polimorfismos en secuencias de DNA, a fin de explicar su participación en la genética evolutiva.

Evidencias de aprendizaje (2)	Criterios de desempeño (3)	Actividades de aprendizaje (4)	Contenidos (5)	Recursos (6)
<p>Reporte de 2: Simulación de fijación de alelos (Dos sesiones)</p>	<ul style="list-style-type: none"> Asistir a la sesión 2 y seguir en equipo, las instrucciones de la misma. Entregar en equipo el reporte de la impreso. El reporte debe incluir introducción, objetivo, hipótesis resultado 	<p>Activación mediante proyección de imágenes, preguntas intercaladas y lluvia de ideas, que vinculen los conceptos revisados durante la Fase 1 de la UA y las fuerzas evolutivas, promoviendo y moderando en todo momento la participación de los estudiantes.</p>	<p>III. Genes en las poblaciones y fuerzas evolutivas.</p> <ul style="list-style-type: none"> Polimorfismos en las poblaciones Mutación y recombinación. Selección natural Deriva génica Estructura poblacional. 	<ul style="list-style-type: none"> Equipo Multimedia Programas: <ul style="list-style-type: none"> -Simulador de procesos evolutivos sobre secuencias de DNA. Mega Arlequin DNasp Datamonkey Pintarrón Marcadores

	<p>s, cuestionario, discusión y conclusión con base a la hipótesis planteada y la consulta de literatura pertinente.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El documento impreso se elaborará en un procesador de textos, utilizando una fuente Times New Roman, Arial, con un espacio y medio en el interlineado. • El documento incluye portada con los datos de la institución y de identificación del equipo que llevó a cabo la . 	<p>Se lleva a cabo la exposición de los contenidos de la Fase 2, donde se aborda la dinámica de los alelos en las poblaciones y la acción de las fuerzas evolutivas sobre de ellas. El estudiante toma nota de los contenidos expuestos.</p> <p>Durante la sexta sesión , el docente proporciona el protocolo de la 2: Simulación de fijación de alelos. Dicha se llevará a cabo en la en dos sesiones (sexta y séptima sesión), en la primera el docente introduce a los objetivos de la misma, el estudiante realizará análisis para determinar el impacto de las fuerzas evolutivas (selección natural, deriva genética,</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La teoría neo-darwiniana y la hipótesis del neutralismo 	<ul style="list-style-type: none"> • Fuentes bibliográficas (libros de la biblioteca y/o electrónicos)
--	--	---	---	---

<p>Reporte de 3:Evolución molecular (Dos sesiones)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Asistir a la sesión 3 y seguir en equipo, las instrucciones de la misma. • Entregar en equipo el reporte de la impreso. • El reporte debe incluir introducción, objetivo, hipótesis resultados, cuestionario, 	<p>migración mutación y recombinación) en la variación de secuencias, esto mediante softwares de simulación evolutiva. El estudiante trabajará en los equipos, como fueron definidos en la Fase anterior, y juntos seguirán las indicaciones del docente.</p> <p>Al final de la sesiones el estudiante generará un solo reporte.</p> <p>El docente explica los elementos de la evidencia de aprendizaje incluida en el portafolio de s 3.</p> <p>Durante la octava y novena sesión , el docente proporciona el protocolo de la 3: Evolución molecular, con el propósito de implementar</p>		
---	---	--	--	--

	<p>discusión y conclusión con base a la hipótesis planteada y la consulta de literatura pertinente.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El documento impreso se elaborará en un procesador de textos, utilizando una fuente Times New Roman, Arial, con un espacio y medio en el interlineado. • El documento incluye portada con los datos de la institución y de identificación del equipo que llevó a cabo la . • 	<p>metodología analíticas para detectar desviaciones al modelo de neutralidad en secuencias nucleotídicas, basadas en la distribución de polimorfismos y en la proporción de sustituciones no sinónimos entre sinónimos. Dicha se llevará a cabo en dos sesiones generando al final de estas un solo reporte. El estudiante trabajará en equipos y juntos seguirán las indicaciones del docente. Los estudiantes realizarán un flujo de análisis de evolución molecular a partir de tres juegos de secuencias nucleotídicas, las cuales presentarán diferentes grados de restricción funcional, de las cuales dos de ellas codificarán y una tercera será no</p>		
--	--	--	--	--

<p>PPA: Avances (Fuerzas evolutivas)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Elaboración del documento que incluye los análisis de las fuerzas evolutivas en los loci seleccionados. • La selección de los loci, su análisis y posterior elaboración del 	<p>codificante. El estudiante aplicará las metodologías basadas en la distribución de polimorfismos (Pruebas de Tajima's D y Fu-Li) y la determinación de las sustituciones sinónimas y no-sinónimas en secuencias codificantes utilizando el codón como unidad evolutiva. Finalmente los estudiantes probarán las hipótesis referentes a la evolución molecular de los loci.</p> <p>El docente explica los elementos del PPA2 e indica la rúbrica para el mismo haciendo recomendaciones acerca de los análisis que deberá realizar. Se le da continuidad a los equipos formados durante le Fase I.</p> <p>En equipos de trabajo,</p>		
--	--	--	--	--

	<p>documento de avances (PPA2) se realizará en equipos, previamente formados en la Fase I.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El formato de dicho documento será realizado en un procesador de texto utilizando una fuente Times New Roman, Arial, ó similar, con un espacio y medio en el interlineado. • La entrega del PPA2 será vía electrónica 	<p>los estudiantes definen los programas que utilizarán para el análisis de las distintas fuerzas evolutivas en los locus previamente seleccionados. Los análisis correspondientes a esta fase del proyecto podrán realizarse en la décima sesión a fin de que el docente monitoree el avance y atienda las dudas por parte de los equipos. Una vez con los resultados, los estudiantes realizan una búsqueda y recopilan datos en diferentes artículos científicos a fin de interpretar cual (es) de las fuerzas evolutivas tienen influencia sobre los loci seleccionados. Con los resultados y la búsqueda bibliográfica, realizan un documento incluyendo lo más</p>		
--	---	--	--	--

<p>I.II Examen teórico (segundo parcial)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Asistencia mínima del 80% • Haber entregado los reportes del portafolio de evidencias con la 2 y 3. • Calificación mínima aprobatoria de 70 puntos (en una escala de 0 a 100). 	<p>relevante de cada uno de los puntos mencionados. Una vez terminado y habiéndose cumplido la rúbrica del PPA3, el documento se envía vía electrónica al docente para su revisión, respetando las indicaciones que este haga al respecto.</p>		
--	--	--	--	--

--	--	--	--	--

Fase 3: Inferencias de la historia evolutiva a escalas de: Genes, Poblaciones y Especies (1) Elementos de competencias. Discriminar las variaciones en las secuencias de DNA a escalas de genes, poblaciones y especies, mediante programas especializados, con la finalidad de inferir su historia evolutiva.				
Evidencias de aprendizaje (2)	Criterios de desempeño (3)	Actividades de aprendizaje (4)	Contenidos (5)	Recursos (6)
Reporte de 4. Filogenia molecular	<ul style="list-style-type: none"> Asistir a la sesión 4 y seguir, en equipo, las instrucciones de la misma. Entregar en equipo el reporte de la impreso. Entregar en equipo el reporte de la impreso. 	El docente expone los contenidos de la Fase 3, vinculando los conocimientos de las etapas previas con los patrones de cambio en las secuencias nucleotídicas y a escala macro (genómica). Finalmente se instruye en la manera de hacer árboles de genes y	IV Patrones de cambio y modelos de evolución molecular. <ul style="list-style-type: none"> Tipos de sustitución y distancia nucleotídica Distancia genética Tasa de sustitución nucleotídica y sus supuestos Tasa de 	<ul style="list-style-type: none"> Equipo Multimedia Programas: <ul style="list-style-type: none"> -Simulador de procesos evolutivos sobre secuencias de DNA. Mega Topali MrBayes Pintarrón Marcadores Fuentes bibliográficas

	<ul style="list-style-type: none"> • Entregar en equipo el reporte de la impreso. • El reporte debe incluir introducción, objetivo, hipótesis resultados, cuestionario, discusión y conclusión con base a la hipótesis planteada y la consulta de literatura pertinente. • El documento impreso se elaborará en un procesador de textos, utilizando una fuente Times New Roman, Arial, con un espacio y medio en el interlineado. • El documento incluye portada con los datos de la institución y de identificación del 	<p>árboles de especies a través de la filogenia molecular.</p> <p>Los estudiantes atienden la exposición del profesor y toman nota de lo más relevante.</p> <p>Durante la sesión 11, el docente entrega a los estudiantes el protocolo a seguir con el propósito instruirse en el análisis filogenético. Los estudiantes realizarán un flujo de análisis filogenético a partir de tres juegos de secuencias nucleotídicas, las cuales presentarán diferentes grados de restricción funcional y ajustes al reloj molecular. El estudiante aplicará las metodologías adecuadas en cada uno de los pasos de la reconstrucción; selección de marcador,</p>	<p>reemplazamiento aminoacídico.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Causas de la variación en la tasa de sustitución <p>V Métodos de reconstrucción filogenética</p> <ul style="list-style-type: none"> • Distancia: UPGMA, Neighbor-joining • Discretos: Parsimonia • Estado de carácter: Máxima verosimilitud y Bayesiano 	<p>(libros de la biblioteca y/o electrónicos)</p>
--	--	--	--	---

	<p>equipo que llevó a cabo la .</p>	<p>obtención de secuencias homólogas, selección del grupo externo, alineamiento, métodos de reconstrucción (distancia, carácter y discretos), selección del modelo evolutivo, prueba filogenética (bootstrap o probabilidad posterior y presentación del árbol. Finalmente los estudiantes probarán las hipótesis referentes a la evolución de las especies y/o de los genes. La número cuatro se realizarán en tres sesiones. Las últimas dos sesiones (14 y 15) serán destinadas a la elaboración del PIA con retroalimentación directo por el docente.</p> <p>El docente explica los elementos de la evidencia de</p>		
--	-------------------------------------	--	--	--

<p>PIA: Documento escrito y Seminario <i>(Análisis filogenético)</i></p>		<p>aprendizaje incluida en el portafolio de s de laboratorio como practica 4, donde el estudiante deberá elaborar un reporte incluyendo los resultados obtenidos durante la misma. Dichos resultados serán discutidos con base a información obtenida a partir de diferentes fuentes bibliográficas que el estudiante deberá consultar.</p> <p>El docente explica los elementos del PIA e indica la rúbrica para el mismo haciendo recomendaciones acerca de los análisis a realizar y las principales fuentes de información. En equipos de trabajo, los estudiantes definen los programas que utilizarán para los análisis de las distintas</p>		
---	--	---	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • Dicho documento debe contener lo descrito en el PPA1 y PPA2 aunado a los análisis filogenéticos llevados a cabo esta Fase 3. • El formato de dicho documento es Word con tipo de letra Arial tamaño 12. • La entrega del PIA será impreso. • Presentar los hallazgos más relevantes de su análisis e investigación documental frente al grupo. • El formato de la presentación es Power Point • La duración de la exposición por equipo es de 45 minutos. 	<p>fuerzas evolutivas en los loci seleccionados. Los análisis correspondientes a esta fase del proyecto podrán realizarse en las 2 sesiones restantes a fin de que el docente monitoree el avance y atienda las dudas por parte de los equipos.</p> <p>Una vez terminado y habiéndose cumplido la rúbrica para este PIA, el documento se entrega impreso al docente para su revisión, respetando las indicaciones que este haga al respecto.</p> <p>Realizar, por equipo, una presentación en Power Point con la información más relevante acerca de su investigación documental, así como de los resultados de los análisis, discusiones y conclusiones.</p>		
--	--	---	--	--

<p>III.II Examen teórico (tercer parcial)</p>	<ul style="list-style-type: none">• Asistencia mínima del 80%	<p>Los equipos deberán presentar los resultados obtenidos ante el grupo en un seminario abordando lo más relevante de su investigación documental y discusiones con respecto a los resultados obtenidos.</p>		
--	---	--	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • Haber entregado y aprobado la evidencia III.I correspondiente a esta primera etapa. • Calificación mínima aprobatoria de 70 puntos (en una escala de 0 a 100). 			
--	---	--	--	--

7. Evaluación integral de procesos y productos (ponderación / evaluación sumativa).				
	1° Fase	2° Fase	3° Fase	%
Reporte de	1 (5%) <i>Estimación de polimorfismos en secuencias de ADN</i>	2 (5%) <i>Simulación de fijación de alelos</i> 3 (5%) <i>Evolución Molecular</i>	4 (5%) <i>Filogenia</i>	30
Producto integrador	PPA: Reporte de avances <i>Análisis de polimorfismos</i> (13%)	PPA2: Reporte de avances <i>Fuerzas evolutivas</i> (10%)	PIA: Documento escrito y Seminario <i>Análisis filogenético</i> (15%)	30
Exámenes	Examen teórico I (14%)	Examen teórico II (14%)	Examen teórico III (14%)	40
TOTAL	32%	34%	34%	100

7. Producto integrador del aprendizaje de la unidad de aprendizaje (señalado en el programa sintético).

Producto integrador:	
Seminario acerca de la investigación documental y análisis de la evolución molecular de dos loci	
Instrucciones	<ol style="list-style-type: none">1. Seleccionar, por equipo, dos loci (codificante y no codificante) a partir de la recopilación de artículos científicos y del banco de genes.2. Realizar de forma colaborativa la investigación acerca de los loci elegidos, con la cual se llevará a cabo un análisis desde tres perspectivas durante las tres fases en que se desarrolla la UA. En una primera etapa (Fase 1) el equipo entrega un avance con el análisis de polimorfismos en los loci seleccionado. En la segunda etapa (Fase 2) el avance a entregar muestra los resultados del análisis de fuerzas microevolutivas en los loci en cuestión y finalmente (Fase 3) el análisis filogenético de los loci o bien la relación filogenética entre especies.3. Entregar al docente el documento escrito impreso.4. Realizar, por equipo, una presentación en Power Point con la información más relevante acerca de su investigación documental, así como de los resultados de los análisis, discusiones y conclusiones.5. En equipo presentar ante el grupo el seminario sobre su investigación documental.
Valor	Total: 10%

Criterios de evaluación

A) Documento escrito

DATOS DE IDENTIFICACIÓN: Presenta una portada Institucional (UANL/FCB) en formato libre y se identifican los alumnos integrantes de la elaboración del documento escrito.

El documento debe incluir las siguientes secciones:

- Introducción
- Hipótesis
- Objetivos
- Métodos
- Resultados
- Discusiones
- Conclusiones
- Referencias Bibliográficas

B) Seminario

PRESENTACIÓN:

- Elaborar en Power Point con formato libre
- Que la ortografía y signos de puntuación sean correctos
- Incluir imágenes, gráficas y/o tablas que apoyan la información abordada
- Uniforme en cuanto al diseño y colores elegidos.
- Se incluyen los siguientes datos de identificación en la primera diapositiva:
Institución y dependencia (UANL/FCB)
Alumnos integrantes de la elaboración de la presentación

EXPOSICIÓN ORAL: Cada integrante del equipo participa en la exposición, pronuncia correctamente cada término, habla con el volumen adecuado, utiliza el vocabulario técnico y/o científico correcto, toma una postura natural y dirigiéndose al público respetuosamente, sigue un orden lógico, concreto y sin salirse del tema, respeta el tiempo máximo de 45 minutos de exposición por equipo.

ORGANIZACIÓN DE LA INFORMACIÓN: La presentación sigue el orden del documento escrito que contiene las siguientes secciones:

	<ul style="list-style-type: none"> - Introducción - Hipótesis - Objetivos - Métodos - Resultados - Discusiones - Conclusiones - Referencias Bibliográficas
Modalidad	Colaborativo
Medio de entrega	Documento escrito: impreso Seminario: Presentación frente a grupo

8. Fuentes de apoyo y consulta (bibliografía, hemerografía, fuentes electrónicas).

- Allendorf, F.W. and Luikart, G. 2007. Conservation and the genetics of populations. John Wiley & Sons.
- Halliburton, R. 2003. Introduction to Population Genetics. Benjamin Cummings.
- Hamilton, M. 2009. Population Genetics. Wiley-Blackwell.
- Hartl, D.L. and Clark, A.G. 2006. Principles of Population Genetics, Fourth Edition. Sinauer Associates, Inc.
- Hedrick, P.W. 2009. Genetics of Populations, Fourth Edition. Jones & Bartlett Publishers.
- Roughgarden, J. 1995. Theory of Population Genetics and Evolutionary Ecology: An Introduction. Benjamin Cummings.
- Templeton, A.R. 2006. Population genetics and microevolutionary theory. John Wiley and Sons.