

## **Programa de Ayudas del GHEP-ISFG para Intercambios de Formación**

**Título del intercambio realizado:** “Variación genética de secuencias de ADN mitocondrial en la población mestiza peruana”

**Datos del beneficiario de la ayuda:** Carlos David Neyra Rivera

**Institución de procedencia:** Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú.

**Institución receptora:** Laboratório de Diagnóstico por DNA (LDD), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), Brasil.

**Propósito del viaje:** El propósito del viaje fue realizar el procesamiento y análisis de las secuencias de ADN mitocondrial obtenidas a partir de la población mestiza peruana. Para ello se procedió a trabajar con productos de PCR de las regiones hipervariables del ADN mitocondrial las que fueron purificadas y secuenciadas según protocolos estandarizados de la entidad receptora. Los resultados obtenidos fueron analizados a través de softwares bioinformáticos para así obtener los haplotipos y posteriormente con esta data obtener los haplogrupos de las muestras analizadas.

**Resultado/s principal/es del intercambio:** Se consiguió realizar el secuenciamiento de las muestras a partir del método estandarizado del laboratorio receptor lo que permitirá replicar dicha metodología en el laboratorio de la entidad de procedencia siguiendo las buenas prácticas empleadas. También, se recibió la capacitación para análisis de las regiones hipervariables I y II del ADN mitocondrial empleando los softwares Sequencing Analysis y Seqscape lo que permite emplear los filtros adecuados para así poder indicar si una secuencia es válida o no para la obtención del haplotipo. Con las secuencias validas, se procedió a recibir una capacitación en el uso de las herramientas de la web <https://empop.online/> para así poder emplear los haplotipos obtenidos y con ellos obtener los haplogrupos de la población mestiza peruana. Como resultado preliminar, uno de los haplogrupos más frecuentes identificados fue el de tipo D.