



unc

FCEFYN
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

ANEXO I CURSO DE POSGRADO: ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES

Curso de Doctorado: “Análisis de la estructura genética de poblaciones naturales”

Unidad Académica organizadora:

Instituto de Diversidad y Ecología Animal (CONICET y FCEFYN-UNC)

Responsables Académicos:

Dra Marina B. Chiappero – Dr Raúl E. González Ittig

Temario a Desarrollar

Unidad 1: Diversidad fenotípica y variación genética. Métodos moleculares para detectar la variabilidad. Concepto de polimorfismo. Parámetros más utilizados para cuantificarlo.

Organización de la variación genética: la población mendeliana y equilibrio de Hardy-Weinberg en sistemas uni y multilocus.

Uso de programas para estimar los niveles de variabilidad genética y equilibrio de Hardy Weinberg en poblaciones naturales (Arlequin, Genalex, otros).

Unidad 2: Cruzamientos no al azar. Diferentes conceptos de endogamia. Cálculo de coeficientes de endogamia. Filiación y parentesco: métodos de estimación. Uso de programas para estimar filiación y parentesco en poblaciones naturales (Colony, Genalex, etc.).

Unidad 3: Deriva genética. Distintos conceptos de tamaño poblacional efectivo y métodos para estimarlos: método del desequilibrio por ligamiento, método de parentesco y de variación temporal (Uso de programas como Ne estimator, Colony, Vareff y TempoFs).

Unidad 4: Flujo génico y estructura genética. Estadística F de Wright y sus diferentes estimadores (θ , Φ_{ST} , G'_{ST} , Dest). AMOVA. Cuantificación de la estructura genética mediante Arlequin, Genalex, etc.

Conceptos básicos de estadística Bayesiana aplicada al estudio de la estructura genética

Flujo génico asimétrico: concepto y uso de programas para estimarlo (IM, BayesAss, GeneClass, etc.)

Unidad 5: Estimación de la estructura poblacional en base a la distribución de genotipos individuales: autocorrelación espacial y programas basados en





unc

FCEFyN
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

estadística bayesiana como STRUCTURE y Geneland.

Unidad 6: Fundamentos de Filogeografía. Redes de haplotipos ((Programa PopArt). Estimación de cambios demográficos: análisis de —Mismatch distribution y Bayesian Skyline Plot. Conceptos básicos de análisis filogeográfico en espacio continuo (Relaxed Random Walk)

Unidad 7: Conceptos y metodología básica para el estudio de la selección natural mediante marcadores moleculares: Tests de neutralidad selectiva y análisis bayesiano de loci —outliers.

Objetivos del curso

El curso está destinado a becarios, doctorandos e investigadores en el área de las Ciencias Biológicas y afines (Genética, Agronomía y Veterinaria) que se estén iniciando en el estudio de la estructura genética de poblaciones naturales. El objetivo general del curso es brindar conocimientos básicos sobre los principios que rigen el origen, mantenimiento y distribución geográfica de la variabilidad genética en poblaciones naturales, y adquirir destreza en la aplicación de los métodos y programas de análisis de datos más comúnmente utilizados, con énfasis en especies animales.

Objetivos específicos:

1. Entender cómo el sistema de cruzamiento y procesos como la deriva genética, el flujo génico y la selección natural moldean la distribución de la variación genética dentro y entre poblaciones.
2. Conocer la metodología básica de análisis de datos moleculares para estudiar la estructura genética de poblaciones naturales
3. Desarrollar habilidades prácticas en el uso de programas estadísticos y bioinformáticos, comúnmente empleados en genética de poblaciones, para la interpretación de patrones genéticos poblacionales en contextos ecológicos y evolutivos.

Contenidos mínimos

Cuantificación de la variabilidad genética obtenida mediante marcadores moleculares. Equilibrio de Hardy-Weinberg. Sistemas de cruzamiento y parentesco. Deriva genética y tamaño poblacional efectivo. Flujo génico. Estructura genética poblacional: Estadística F de Wright y sus diferentes estimadores. Métodos de estimación de la estructura genética poblacional en base a distribución de genotipos individuales. Fundamentos de Filogeografía y de





unc

FCEFyN
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

estimación de cambios demográficos. Conceptos básicos de selección natural.

Nombre de el/los disertante/s (se adjuntan CVs reducidos)

Marina B. Chiappero Raúl

E. González Ittig

Noelia S. Vera

Julia Vergara Oficialdegui

Diego R. Uñates

María Soledad Acosta Jofré

En cada edición se contará con la colaboración de investigadores y estudiantes de posgrado del grupo de trabajo, que asistirán a los alumnos en el manejo de los programas de análisis.

Destinatarios de la actividad

Alumnos del doctorado en Ciencias Biológicas, egresados de la carrera de Biología y carreras afines (Cs. Agropecuarias, Lic. en Genética, Veterinaria, etc.). Es un curso básico para quienes se estén iniciando en el estudio de la estructura genética de poblaciones naturales y deseen adquirir las herramientas básicas para este tipo de análisis.

Fecha de realización

18 al 22 de agosto de 2025 Se repite todos los años

Duración y programa de actividad diaria

Duración: 50 hs.

El curso se desarrolla de lunes a viernes inclusive con una carga horaria de 40 hs. presenciales y 10 no presenciales.

Las actividades presenciales se llevan a cabo de lunes a viernes de 9:00 a 13:00 y de 14:00 a 18:00 hrs. Las actividades no presenciales constan de la





visualización de videos con contenido básico, previo al inicio del curso, y la evaluación final.

Metodología de trabajo

Se ofrecerán herramientas teóricas básicas mediante disertaciones a cargo del equipo docente, orientadas a introducir los principales enfoques y problemáticas que abordaremos en el curso.

De forma complementaria, se llevará a cabo la aplicación práctica de contenidos mediante el uso de softwares específicos para el análisis de casos y datos reales provistos por los docentes.

Estos ejercicios estarán enfocados en proyectos de investigación vinculados a áreas como la conservación de la vida silvestre, el uso del hábitat, los patrones de colonización y dispersión, la biogeografía y la epidemiología, entre otros.

Bibliografía

Consta de libros y papers de revisión clásicos, así como publicaciones clave en el área.

Libros

1. Templeton, A.R. (2006) —Population Genetics and Microevolutionary Theoryll. A. R. Templeton. Wiley-Liss.
2. Freeland, J.R., Kirk H. y Petersen S. D. (2011) —Molecular Ecologyll. Wiley-Blackwell.

Publicaciones:

1. Wang, J. (2005). Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1459), 1395-1409.
2. Beaumont, M. A., & Rannala, B. (2004). The Bayesian revolution in genetics. *Nature Reviews Genetics*, 5(4), 251-261
3. Epps, C. W., & Keyghobadi, N. (2015). Landscape genetics in a changing world: disentangling historical and contemporary influences and inferring change. *Molecular ecology*, 24(24), 6021-6040.
4. Ellegren, H., & Galtier, N. (2016). Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*, 17(7), 422-433.





5. Bullard, F. (2001). A brief introduction to Bayesian Statistics. Preprint, (<http://courses.ncssm.edu/math/TALKS/PDFS/BullardNCTM2001.pdf>), The North Carolina School of Science and Mathematics.
6. Whitlock, M. C., & McCauley, D. E. (1999). Indirect measures of gene flow and migration: $F_{ST} \approx 1/(4Nm + 1)$. *Heredity*, 82(2), 117-125.
7. Slatkin, M. (1993). Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium
8. populations. *Evolution*, 47(1), 264-279.
9. Rousset, F. (1997). Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 145(4), 1219-1228.
10. Rousset, F. (2000). Genetic differentiation between individuals. *Journal of Evolutionary Biology*, 13(1), 58-62.
11. Amos, W., & Harwood, J. (1998). Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 353(1366), 177-186.
12. Kidner, J., Theodorou, P., Engler, J. O., Taubert, M., & Husemann, M. (2021). A brief history and popularity of methods and tools used to estimate micro-evolutionary forces. *Ecology and Evolution*, 11(20), 13723-13743.
13. Ho, S. Y., & Shapiro, B. (2011). Skyline methods for estimating demographic history from nucleotide sequences. *Molecular Ecology Resources*, 11(3), 423-434.
14. Grant, W. S. (2015). Problems and cautions with sequence mismatch analysis and Bayesian skyline plots to infer historical demography. *Journal of Heredity*, 106(4), 333-346.
15. Hickerson, M. J., Carstens, B. C., Cavender-Bares, J., Crandall, K. A., Graham, C. H., Johnson, J. B., ... & Yoder, A. D. (2010). Phylogeography's past, present, and future: 10 years after. *Molecular phylogenetics and evolution*, 54(1), 291-301.
16. Knowles, L. L. (2009). Statistical phylogeography. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40(1), 593-612.
17. Meirmans, P. G. (2015). Seven common mistakes in population genetics and how to avoid them. *Molecular Ecology*, 24, 3223-3231.
18. Charlesworth, B., & Charlesworth, D. (2017). Population genetics from 1966 to 2016. *Heredity*, 118(1), 2-9.
19. Gilbert, K. J. (2016). Identifying the number of population clusters with Structure: problems and solutions. *Molecular Ecology Resources* (2016) 16, 601-603.
20. Puechmaille, S. J. (2016). The program Structure does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. *Molecular Ecology Resources*, 16(3), 608-627.
21. Rissler, L. J. (2016). Union of phylogeography and landscape genetics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(29), 8079-8086.
22. Carstens, B. C., Morales, A. E., Jackson, N. D., & O'Meara, B. C. (2017). Objective choice of phylogeographic models. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 116, 136-140.
23. Edwards, S. V., Robin, V. V., Ferrand, N., & Moritz, C. (2022). The evolution





unc

FCEFyN
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

of comparative phylogeography: putting the geography (and more) into comparative population genomics. *Genome Biology and Evolution*, 14(1), evab176.

24. Emerson, B. C. (2025). Delimiting Species—Prospects and Challenges for DNA Barcoding. *Molecular Ecology*, e17677.

Recursos didácticos

Se entregará a los asistentes material bibliográfico específico vinculado a cada metodología y software utilizado en el curso. Este incluirá publicaciones científicas de referencia, instructivos detallados para la utilización de los programas, ejemplos aplicados y ejercicios prácticos orientados al análisis de datos en genética de poblaciones.

Evaluación final, metodología y profesores propuestos para realizarla

Evaluación: SI

Tribunal:

Marina B. Chiappero

Raul E. González Ittig

Noelia S. Vera

Aranceles: \$60000 en un pago, o bien dos pagos de \$ 35000.

Se eximirá del pago del 20% del arancel a los estudiantes de la Carrera de Doctorado en Ciencias Biológicas de la FCEFyN, UNC.

Cupo: 10 alumnos mínimo - 20 máximo.

Presupuesto estimativo y prioridades para la asignación de recursos

Honorarios: desde 0 hasta \$60000 (monto condicionado a la cantidad de cursantes).





unc

FCEFyN
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

Reconocimiento de gastos:

Cafetería: \$50000

Entidad que operará como unidad ejecutora de recursos

Instituto de Diversidad y Ecología animal (IDEA CONICET-UNC) - STAN N° 1356

