

CURSO DE POSGRADO

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES

Organiza: Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA – CONICET y FCEFN, UNC)
Avalado por el Doctorado en Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba

 **Fecha:** 26 al 30 de octubre de 2026

 **Modalidad:** Presencial (con introducción virtual)

 **Carga horaria:** 50 hrs

 **Arancel:** \$100000 en un pago, o dos cuotas de \$ 55000
Los alumnos del doctorado en Cs Biológicas de la UNC tienen un descuento del 20% (\$80000 en un pago o dos cuotas de \$44000)

DOCENTES RESPONSABLES:

- Marina B. Chiappero – IDEA (CONICET y FCEFN-UNC)
- Raúl E. González Ittig – IDEA (CONICET y FCEFN-UNC)

PREINSCRIPCIÓN:

Entre el Lunes 07/09 y el Viernes 18/09. El Lunes 21/09 se notifica si quedan o no en el curso.

Contacto para la preinscripción e informes: raul.gonzalezittig@unc.edu.ar

DESTINADO A:

Becarios, doctorandos e investigadores en el área de las Ciencias Biológicas que se estén iniciando en el estudio de la estructura genética de poblaciones naturales y deseen adquirir conocimientos básicos sobre los principios que rigen el origen, mantenimiento y distribución geográfica de la variabilidad genética en poblaciones naturales, y destreza en la aplicación de los métodos y programas de análisis de datos más comúnmente utilizados.

OBJETIVOS DEL CURSO:

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.

PROGRAMA DEL CURSO:

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 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".