



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS				
Denominación de la actividad académica (completa): Herramientas bioinformáticas para análisis de datos genéticos				
Clave: (no llenar)	Semestre: 2025-1	Campo de conocimiento: Evolución	Número de Créditos: 8 créditos	
Carácter Optativa	Horas		Horas por semana	Horas por semestre
	Teóricas 16	Prácticas 48	21/22	64
Modalidad Curso		Duración del curso 15 días		
Seriación indicativa u obligatoria antecedente, si es el caso: <i>Tener conocimientos básicos de Genética de poblaciones y de programación en R</i>				
Seriación indicativa u obligatoria subsecuente, si es el caso: Sin ningún tipo de seriación				
Objetivo general: Proporcionar las habilidades y conocimientos necesarios para utilizar diferentes herramientas bioinformáticas en análisis genéticos, con diferentes tipos de datos moleculares (microsatélites, secuencias cortas, SNP's) y llevar a cabo la correcta interpretación de los estimadores y análisis genéticos.				
Objetivos específicos: (en su caso) Que los estudiantes: <ul style="list-style-type: none"> • Conocer y entender los procesos de flujo genético y deriva genética. • Utilizar diferentes softwares especializados para obtener los diferentes estimadores de diversidad genética para diferentes marcadores moleculares. • Interpretar los diferentes estimadores de diversidad genética. • Aprender diferentes softwares de estructura genética. • Interpretar los análisis y resultados de estructura genética. • Utilizar diferentes software en temas de filogeografía, así como la interpretación de los resultados. 				
Temario			Horas	
			Teóricas	Prácticas
Unidad 1			4	4
1.1 Introducción y descripción general de genética/ómica de poblaciones, paisaje y Filogeografía				
1.2 Marcadores moleculares (Microsatélites, Secuencias y SNP's) ¿Qué son? ¿Cuándo usarlos? Loci adaptativos vs loci neutrales				
1.3 Un repaso en R				



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Unidad 2 2.1 Diversidad Genética 2.2 Modelos de flujo genético 2.3 Estimadores de diversidad genética (H_o , H_e , riqueza alélica, número de haplotipos, etc)	4	8
Unidad 3 3.1. Estructura Genética y análisis de agrupamiento <ul style="list-style-type: none"> ● PCA, DAPC ● Structure ● Admixture 3.2 Wright's F (F_{ST} , F_{IS} , F_{IT}) y otros estimadores de diferenciación genética (R_{ST} , D_C , D_{PS} , aR) 3.3 Análisis de estructura genética espacial <ul style="list-style-type: none"> ● Aislamiento por distancia, resistencia y ambiente ● Geneland ● MEMGENE 	4	16
Unidad 4 4.1 Análisis en estudios Filogeográficos 4.2 Árboles de distancias genéticas 4.3 Red mínima de haplotipos	4	12
Unidad 5 5.1 Casos de Estudio y Proyecto Final <ul style="list-style-type: none"> ● Revisión de casos de estudio aplicados ● Diseño y presentación de proyectos ● Presentación y evaluación de proyectos finales 		8
Total de horas teóricas	16	
Total de horas prácticas		48
Suma total de horas <i>(debe coincidir con el total de horas al semestre)</i>		
Bibliografía básica <ul style="list-style-type: none"> ● Allendorf, F. W. (2017). Genetics and the conservation of natural populations: allozymes to genomes. <i>Molecular Ecology</i>, 26(2), 420–430. https://doi.org/10.1111/mec.13948 ● Ellegren, H., & Galtier, N. (2016). Determinants of genetic diversity. <i>Nature Reviews. Genetics</i>, 17(7), 422–433. https://doi.org/10.1038/nrg.2016.58 ● Hamilton, M. B. (2021). <i>Population Genetics</i>. John Wiley & Sons. https://play.google.com/store/books/details?id=4OUSEAAAQBAJ ● Nielsen, R., & Slatkin, M. (2013). <i>An Introduction to Population Genetics: Theory and Applications</i>. Sinauer. https://play.google.com/store/books/details?id=ly08kgEACAAJ ● Eguiarte Luis E., V. Souza y X. Aguirre (Compiladores). 2007. <i>Ecología molecular</i>. Semanrant, Conabio, Inst. de Ecología UNAM. D. F., México. 574 págs. Este libro estara disponible como pdf sin costo en nuestro sitio de internet. ● Hedrick, P.W. 2005. <i>Genetics of populations</i>. Second edition. Jones and Bartlett publishers. Sudbury, Massachusetts. 		



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

- Avise J.C. 2000. Phylogeography. The history and formation of species. Harvard University press. Cambridge Massachusetts. 447 págs. Revisión actualizada de diferentes aspectos de evolución a nivel poblaciones, principalmente usando mitocondria en animales.
- Brooks, D. R. y D. A. McLennan. 1991. Phylogeny, ecology, and evolution, a research program in comparative biology, University of Chicago Press.
- Garrido-Garduño, T y Ella Vázquez-Domínguez. 2013. Métodos de análisis genéticos, espaciales y de conectividad en genética del paisaje. Revista Mexicana de Biodiversidad, 84: 1031-1054.
- Balkenhol, N., Cushman, SA., Storfer, AT., Waits, LP. 2015. Landscape genetics. John Wiley & Sons. DOI:10.1002/9781118525258
- Hickerson MJ. et al. 2010. Phylogeography's past, present and future: 10 years after Avise 2000. Molecular Phylogenetic and Evolution. 54: 291-301.
- Knowles LL. 2009. Statistical phylogeography. Annual Review Ecology Evolution and Systematic. 40: 593-612
- Freeland, J.R. (2011). Molecular Ecology. Second edition. J. Wiley & Sons, Ltd. 388.

Bibliografía complementaria

(se recomienda utilizar bibliografía actualizada)

- Coates, D. J., Byrne, M., & Moritz, C. (2018). Genetic diversity and conservation units: Dealing with the species-population continuum in the age of genomics. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6. <https://doi.org/10.3389/fevo.2018.00165>
- Shafer, A. B. A., Wolf, J. B. W., Alves, P. C., Bergström, L., Bruford, M. W., Brännström, I., Colling, G., Dalén, L., De Meester, L., Ekblom, R., Fawcett, K. D., Fior, S., Hajibabaei, M., Hill, J. A., Hoesel, A. R., Höglund, J., Jensen, E. L., Krause, J., Kristensen, T. N., Zieniński, P. (2015). Genomics and the challenging translation into conservation practice. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(2), 78–87. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.11.009>
- Hoban, S., et al. 2024. The Coalition for Conservation Genetics, too simple, too complex, or just right? Advantages, challenges, and guidance for indicators of genetic diversity. *BioScience* 74: 269-280, <https://doi.org/10.1093/biosci/biae006>
- Edwards S.V., Robin V. V., Ferrand N, & Moritz C. 2021 The Evolution of Comparative Phylogeography: Putting the Geography and More into Comparative Population Genomics. *Genome Biology and Evolution* 14: 1- 16. DOI:10.1093/gbe/evab176.
- Carstens, B.; et al.; 2012. The Promises and Pitfalls of Next-Generation Sequencing Data in Phylogeography. *Syst. Biol.* 615:713-715,2012. DOI:10.1093/sysbio/sys050.

Sugerencias didácticas:

(marcar con una X la sugerencia didáctica que se utilizará para abordar los temas. Es importante tomar en cuenta que si la actividad tiene horas prácticas en las sugerencias deberá haber herramientas prácticas para el aprendizaje de los temas)

- Exposición oral
- Exposición audiovisual
- Ejercicios dentro de clase
- Ejercicios fuera del aula
- Seminarios
- Lecturas obligatorias
- Trabajos de investigación
- Prácticas de taller o laboratorio
- Prácticas de campo
- Otros *(indicar cuáles)*

Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:

(marcar con una X el mecanismo que se utilizará para evaluar el aprendizaje. Se recomienda que para la evaluación sean tomadas en cuenta las sugerencias didácticas señaladas)

- Exámenes parciales
- Examen final escrito
- Tareas y trabajos fuera del aula
- Exposición de seminarios por los alumnos
- Participación en clase
- Asistencia
- Seminario
- Otros *(indicar cuáles)*



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Línea de investigación: <i>Biología Evolutiva y Ecología</i>	
Perfil profesiográfico	