

**PROGRAMA DE MÁSTER “BIODIVERSIDAD EN ÁREAS TROPICALES Y SU CONSERVACIÓN”**

**ASIGNATURA “GENÉTICA APLICADA A LA CONSERVACIÓN”**

**Del 1 al 12 de febrero de 2010**

| HORARIO      |       | LUNES 1   | MARTES 2  | MIÉRCOLES 3  | JUEVES 4   | VIERNES 5  |
|--------------|-------|---|---|--|--|--|
| 8:00         | 10:00 | Introducción a la asignatura: organización y planificación<br><br><b>Diversidad genética</b><br>Origen, tipos y medidas<br>Equilibrio de Hardy-Weinberg<br>Fuerzas que afectan a la diversidad genética: mutación, selección y migración. | <b>Análisis genealógicos</b><br>Parentesco y consanguinidad: métodos de cálculo<br>Otros parámetros: número efectivo de fundadores y número de genomas equivalentes | <b>Base genética de los caracteres cuantitativos</b><br>Partición del valor fenotípico<br>Partición de la varianza fenotípica<br>Estimación de heredabilidades y correlaciones | <b>Problemas de las poblaciones de censo reducido</b><br>Pérdida de variabilidad<br>Acumulación de mutaciones deletéreas<br>Fluctuaciones demográficas y ambientales | <b>Gestión genética de programas de conservación</b><br>Elección de las poblaciones y del método de conservación<br>Esquemas jerárquicos |
| 10:00        | 10:30 | <b>DESCANSO</b>   |   |  |  |  |
| 10:30        | 13:00 | <b>Deriva genética y censo efectivo</b><br><br>Proceso dispersivo en la población ideal<br>Censo efectivo en condiciones reales   | Manejo de software de análisis genealógico  | <b>Efecto de la selección natural sobre caracteres cuantitativos</b><br>Tipos de selección   | Censos mínimos viables<br>Depresión consanguínea   | Metodología general:<br>minimización del parentesco<br>Mantenimiento de la diversidad alélica  |
| <b>TARDE</b> |       | <b>TRABAJO PERSONAL</b>   |   |  |  |  |

| HORARIO      |       | LUNES 8  | MARTES 9   | MIÉRCOLES 10  | JUEVES 11   | VIERNES 12                                |
|--------------|-------|--|--|---|---|---|
| 8:00         | 10:00 | <b>Conservación asistida por marcadores</b><br>Identificación individual y trazabilidad<br>Análisis de paternidad<br>Estimación de parentescos | <b>Estructura de la población</b><br>Partición de la diversidad<br>Estadísticos F de Wright<br>Distancias genéticas<br>Análisis de cluster | <b>Priorización de poblaciones en conservación</b><br>Criterios genéticos de priorización<br>Criterios no genéticos<br>Unidades de conservación | <b>Gestión de poblaciones subdivididas</b><br>La regla de Un Migrante Por Generación (OMPG)<br>Métodos óptimos: información genealógica e información molecular | Evaluación de los trabajos de los alumnos |
| 10:00        | 10:30 | <b>DESCANSO</b>  |  |   |   |   |
| 10:30        | 13:00 | Estimación de heredabilidad<br>Detección de QTLs en poblaciones naturales<br>Optimización de programas de conservación con marcadores          | Manejo de software de análisis poblacional y clusterización  | Manejo de software de paternidad y estimación de parentesco   | Evaluación de los trabajos de los alumnos   | Evaluación de los trabajos de los alumnos |
| <b>TARDE</b> |       | <b>TRABAJO PERSONAL</b>  |  |   |   |   |