

I. DATOS DEL PROGRAMA Y LA ASIGNATURA	
NOMBRE DEL PROGRAMA	MAESTRÍA EN CIENCIAS EN EL USO, MANEJO Y PRESERVACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES
NOMBRE DE LA ASIGNATURA	GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN
CLAVE	9420

TIPO DE ASIGNATURA	OBLIGATORIA		OPTATIVA		X
--------------------	-------------	--	----------	--	---

TIPO DE ASIGNATURA	TEÓRICA		PRACTICA		TEÓRICA-PRACTICA	X
--------------------	---------	--	----------	--	------------------	---

NÚMERO DE HORAS	43 horas de teoría, 20 horas de práctica
	3 horas de teoría y 4 horas de prácticas por semana
NÚMERO DE CREDITOS	7
FECHA DE ÚLTIMA ACTUALIZACIÓN	Nov. 2019

II. DATOS DEL PERSONAL ACADÉMICO			
RESPONSABLE DE LA ASIGNATURA	Dr. Francisco Javier García de León	CLAVE SNI	
PROFESORES PARTICIPANTES	Dr. Gopal Murugan	CLAVE	

III. DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO DEL PROGRAMA DEL CURSO O ASIGNATURA
A) OBJETIVO GENERAL
El curso de Genética de la Conservación es una materia que tiene como finalidad preparar al alumno conceptual y metodológicamente en el uso de marcadores genéticos para el conocimiento, manejo y conservación de los recursos bióticos de importancia científica y/o económica. En particular, este curso provee los conocimientos teóricos y prácticos que ofrece la genética moderna como disciplina que ha generado nuevas herramientas analíticas para incursionar en todas las áreas de las ciencias biológicas y en particular en el manejo y conservación de fauna y flora silvestre.

B) DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO	
TEMAS Y SUBTEMAS	TIEMPO (Horas)
UNIDAD I. Introducción. Tiempo estimado: 4 horas de teoría Bibliografía base: Hillis et al. (1996) y Frankham et al. (2002). Objetivos particulares. Este tema de introducción pretende hacer un análisis histórico sobre los avances conceptuales y metodológicos en la genética moderna que han permitido	4



el uso de herramientas en la biología de la conservación de organismos. Se resalta la importancia del conocimiento genético en las poblaciones para el planteamiento de estrategias de manejo, recuperación y explotación racional de especies de importancia científica y económica. 1.1. Aspectos históricos. 1.2. ¿Por qué conservar la biodiversidad? 1.3. Reconocimiento de factores genéticos en la biología de la conservación.	
UNIDAD II. Diversidad genética. Tiempo estimado: 5 horas de teoría. Bibliografía base: Mettler y Gregg (1972); Futuyama (1986); Hartl (1988); Weir (1990); Solignac et al. (1995); Gillespie (1998); Kowles (2001); Frankham et al. (2002). <i>Objetivos particulares.</i> Se hace una distinción entre la variabilidad fenotípica y genética. Se define con claridad el concepto de diversidad genética y su importancia para el manejo de recursos vivos. Se establece la diferencia entre muestreo estadístico y genético como dos fuentes de variación en el análisis de datos genéticos. Se detalla la forma de medir la variabilidad genética y se estudia el modelo Hardy-Weinberg como la hipótesis de base para estudiar los cambios en las frecuencias alélicas en las poblaciones naturales y su interpretación en el manejo de datos genéticos. 2.1. Significado e importancia de la diversidad genética. 2.2. Distinción entre muestreo genético y estadístico. 2.3. Estimación de la variabilidad genética. 2.4. Frecuencias alélicas y genotípicas. 2.5. Equilibrio de Hardy-Weinberg y sus aplicaciones PRIMER EXAMEN	5
UNIDAD III. Metodología básica para la recolección y procesamiento de información genética. Tiempo estimado: 10 horas de teoría y 12 de prácticas (total 22). Bibliografía de base: Avise (1994); Hillis et al. (1996); Frankham et al. (2002). <i>Objetivos particulares.</i> Se conocerá los avances más recientes en la tecnología de obtención de datos genéticos, así mismo se describirá brevemente los protocolos para la evaluación de la diversidad genética a nivel intra-específico e inter-específico para los principales métodos analíticos. 3.1. Generalidades. Tipos de datos; marcador genético, concepto y tipos; diseño del muestreo; colecta y almacenamiento de tejidos. 3.2. La herramienta molecular. 3.2.1. La variabilidad de las proteínas. 3.2.2. Citogenética molecular. 3.2.3. Hibridación ADN-ADN.	22



3.2.4. Técnicas por PCR: RFLPs, RAPDs, AFLPs, SNPs, genes simple copia, RNA ribosómico y Microsatélites. 3.2.5. Secuenciación. SEGUNDO EXAMEN	
UNIDAD IV Generalidades de genética de poblaciones. Tiempo estimado: 8 horas de teoría y 8 de prácticas (total 16). Bibliografía de base: Mettler y Gregg (1972); Futuyama (1986); Hartl y Clark (1989); Weir (1990); Solignac et al. (1995); Gillespie (1998); Kowles 2001. <i>Objetivos particulares.</i> Se describen brevemente los efectos de las principales fuerzas evolutivas que hacen cambiar las frecuencias alélicas y genotípicas en las poblaciones naturales, también se mencionan brevemente algunos procedimientos matemáticos para la prueba de hipótesis en genética de poblaciones. 4.1. Sistemas de reproducción. 4.2. La deriva genética. 4.3. Las mutaciones. 4.4. Estructura geográfica de las poblaciones, migraciones y flujo genético. 4.5. La selección natural TERCER EXAMEN	16
UNIDAD V. Métodos de reconstrucción filogenética. Tiempo estimado: 8 horas de teoría y 8 de prácticas (total 16). Bibliografía de base: Harvy y Pagel (1991); Wiley et al. (1991); Avise (1994); Nei y Kumar (2000). <i>Objetivos particulares.</i> Se describen los tipos de datos genéticos más usados para la reconstrucción de árboles filogenéticos. Se establecen las diferencias de los tipos de árboles en función del enrasamiento, de genes o especies y medidas de relaciones genéticas. Se describen de forma sucinta los principales métodos de reconstrucción filogenética y el concepto de reloj molecular, también se mencionan brevemente algunos procedimientos matemáticos para la prueba de hipótesis. 5.1. Tipos de árboles filogenéticos (enraizados contra no enraizados, de genes contra especie, etc.) y diferentes escuelas. 5.2. . Procedimientos para la reconstrucción de filogenias. 5.2.1. Métodos de distancia (UPGMA y Neighbor Joining) 5.2.2. Métodos de Máxima parsimonia. 5.2.3. Métodos de Máxima probabilidad (Maximum Likelihood) 5.2.4. . Métodos de Bayesianos 5.3. Reloj molecular. Conceptos generales. Calibración y controversias. CUARTO EXAMEN	



IV. CRONOGRAMA				
Nombre de la Unidad	Mes 1	Mes 2	Mes 3	Mes 4
I. Introducción	X			
II. Diversidad genética	X			
III. Metodología básica para la recolección y procesamiento de polimorfismo genético.	X	X		
IV. Genética de poblaciones y las causas de la evolución del polimorfismo genético.		X	X	
V. Métodos de reconstrucción filogenética			X	X

V. BIBLIOGRAFIA
Awise, J.C. (1994). Molecular markers, natural history and evolution. Chapman & Hall. New York. 511 p.
Awise, J.C. and J.L. Hamrick (1996). Conservation Genetics. Case histories from nature. Chapman and Hall. 512 p.
Carvalho, G.R. and T.J. Pitcher Eds. (1995). Molecular genetics in fisheries. Chapman & Hall. London 141 p.
Ferraris, J.D. and S.T. Palumbi Eds. (1996). Molecular zoology. Advances, strategies, and protocols. Wiley Liss. New York. 580 p.
Frankham, R., J.D. Balou y D.A. Briscoe. (2002). Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, UK. 617.
Futuyama, D.J. (1986). Evolutionary biology. Second edition. Sinauer. Sunderland, Massachusetts, USA. 600 p.
García de León, F.J. (2003). Apuntes de genética de poblaciones. Inédito. Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria.
Garte, S.J. Ed. (1994). Molecular environmental biology. Lewis Publishers. Boca Raton. 256 p.
Gillespie, J.H. (1998). Population genetics. A concise guide. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, 174 p.
Hartl, D.L. and A.G. Clark (1989). Principles of population genetics. Second editions. Sinauer. Sunderland, Massachusetts. 682 p.
Hartl, D.L. (1988). Génétique des populations. Traduit de l'américain par N. Borot. Flammarion. Paris. 305 p.
Harvey, P.H. y M.D. Pagel. (1991). The comparative method in evolutionary biology. Oxford University Press, N.Y. 239.
Hillis D.M. C. Moritz and B.K. Mable. Eds. (1996). Molecular systematics. Second Edition Sinauer. Sunderland, Massachusetts, USA. 655 p.
Kowles, R. (2001). Solving problems in genetics. Springer-Verlag, N.Y. 479.
Maynard-Smith, J. (1989). Evolutionary genetics. Oxford University Press. Oxford. 325 p.
Mettler, L. E. y T. G. Gregg (1972). Genética de las poblaciones y evolución. UTEHA, México. 245 p.
Nei, M., y S. Kumar (2000). Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press. 333 p.
Slatkin, M. (1987). Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science 236:787-792.
Solignac, M., G. Periquet, D. Anxolabéhère, y C. Petit. 1995. Génétique et evolution. Tome 1 (La variation, les genes dans les populations); Tome II (L'espece, l'évolution moléculaire. Hermann. Editeurs des Sciences et des arts.



Weir, B.S. and C.C. Cockerham. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38:1358-1370.

Weir, B.S. (1990). Genetic data analysis. Sinauer. Sunderland, Massachusetts, USA. 377 p.

Wiley, E.O., D. Siegel-Causey, D.R. Brooks y V.A. Funk. (1991). The complete cladist. A primer of phylogenetic procedures. The University of Kansas. Museum of Natural History. Special Publication No. 19. 158 p.

VI. PROCEDIMIENTO O INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN

ACTIVIDADES DE APRENDIZAJE

Consulta de libros (ver bibliografía), de artículos científicos de actualidad en revistas científicas tales como genética de la conservación, ecología molecular, filogenia molecular, evolución, etc. Consultas y acceso a recursos en Internet. Uso de equipo de cómputo y software especializado. Uso del área de laboratorio de genética para el desarrollo de prácticas.

UNIDAD I Laboratorio.

No hay sesión de prácticas.

UNIDAD II Laboratorio

No hay sesión de prácticas.

UNIDAD III Laboratorio

El alumno empleará diversos protocolos para desarrollar información genética en los siguientes métodos moleculares:

1. Electroforesis enzimática.
2. Extracción de ADN total
3. PCR, RFLPs en ADN mitocondrial y microsatélites.
4. Paquete estadístico para estimar grado de error en la genotipificación mediante marcadores microsatélites (Microchecker).

NOTA: La realización de las prácticas de laboratorio depende del acceso a laboratorios, materiales, equipos y químicos que se consigan.

UNIDAD IV Laboratorio

El alumno comprenderá y empleará paquetes estadísticos especializados en genética de poblaciones tales como Genepop, Genetix, y Arlequin

UNIDAD V Laboratorio

El alumno comprenderá y empleará paquetes estadísticos especializados para la construcción de árboles filogenéticos tales como: BLAST, alineamiento de secuencias, TreeView, PAUP.

MODALIDADES DE EVALUACION DE LA ASIGNATURA

La evaluación se sustentará en la participación del estudiante en las diferentes actividades requeridas para completar el curso. Habrá cuatro exámenes parciales indicados en el temario de este programa, el promedio de esos exámenes representará el 70 por ciento de la evaluación final. Cada estudiante entregará un trabajo final relacionado con un tema



en genética de la conservación, el cual se expondrá a manera de seminario al final del curso y que representará el 15 por ciento de la evaluación final. Los reportes de laboratorio (en el caso de que existan) consistirán en un reporte por escrito de cada práctica realizada y el promedio de todos estos reportes dará el 15 por ciento restante de la calificación final.

