

# Gestión Académica

## Universidad de Oviedo

[Uniovi.es](#) | [Inicio](#) | [Buscador](#) | [Mapa Web](#)



[Volver a la lista de asignaturas](#)

## Información de la asignatura

Curso académico: 2019-2020

Oferta formativa: Máster Universitario en Conservación Marina

Código: MCONMARI-1-001

Denominación: Biodiversidad Genética

[Descripción General y Horario](#)

[Guía Docente](#)

### Curso académico:

Curso académico seleccionado:

### Coordinador/es:

Actualmente no hay coordinadores en esta asignatura

### Profesorado:

GONZALO MACHADO SCHIAFFINO machadogonzalo @ uniovi.es (English Group)

Eva Garcia Vazquez egv @ uniovi.es (English Group)

### Contextualización:

Este curso proporciona al estudiante un conocimiento completo de las bases, medidas y valores de la biodiversidad entendida como conjunto de variación genética de una comunidad marina, tanto intra- como interespecífica. El curso incluye el análisis y estudio crítico de un caso práctico y de artículos científicos recientes y relevantes sobre el tema.

### Requisitos:

Se requiere que el estudiante haya cursado previamente una introducción a la genética, a nivel de

pregraduado. Es imprescindible el conocimiento del idioma inglés, ya que el curso se imparte en este idioma.

## **Competencias y resultados de aprendizaje:**

El curso examina la diversidad genética como uno de los componentes principales de la biodiversidad. Se analiza el origen de la variación genética, su medida y cuantificación en las poblaciones naturales y en las especies. Se estudia la variación intra e interespecífica y se aprende la importancia de la misma en la conservación de las especies marinas.

El objetivo final es la adquisición de una visión multidisciplinar de la biodiversidad, abarcando la variación genética dentro de especie. Los estudiantes aprenderán a reconocer y cuantificar la diversidad poblacional e intraespecífica. Igualmente, adquirirán las herramientas genéticas teóricas para su aplicación tanto en los análisis de diversidad genética como en la gestión de recursos naturales marinos, para la cual este conocimiento es imprescindible.

## **Contenidos:**

Cada tema se basa en estudios de caso, para los que se analizará un artículo reciente y relevante.

- 1) Variación genética en especies marinas procariotas, animales y vegetales.
- 2) Variación genética en poblaciones naturales.
- 3) Distribución de la variación genética dentro de una especie.
- 4) Selección natural, adaptación, deriva génica y diversidad genética.
- 5) Más que biodiversidad: metagenomas.
- 6) Introducción al análisis genómico

## **Metodología y plan de trabajo:**

**Sesiones teóricas:** Presentación expositiva de los contenidos por el profesor, como introducción a cada tema. A continuación se propone discusión y análisis crítico de materiales y bibliografía por parte de los estudiantes.

### **Ejercicio práctico: trabajo de campo**

Se realizará una salida a un ecosistema litoral. En él se elegirá un organismo sobre el cual se estudiará algún carácter genético variable identificable morfológicamente (color, forma, patrón de bandas). En sesiones preparatorias, los estudiantes diseñarán un plan de muestreo que permita responder alguna cuestión sobre la distribución espacial de esa variación genética (por ejemplo, distancia a agua dulce, nivel de marea etc.). En la salida de campo se recogerán los datos correspondientes al esquema de

muestreo planeado, se anotarán y codificarán según lo acordado en las sesiones preparatorias.

**Análisis y discusión del ejercicio práctico:** Trabajo en equipo supervisado por los profesores. Los estudiantes analizarán los datos obtenidos en el trabajo de campo, interpretarán los resultados y prepararán una presentación en powerpoint para la última sesión del curso.

Software a emplear en primera instancia para el análisis (podría variar según necesidades): ARLEQUIN (Schneider et al. 2000)

**Preparación y presentación de seminarios individuales:** Éstos serán elegidos por los estudiantes según sus intereses al principio del curso. Los profesores colaborarán en la búsqueda de materiales apropiados y, en su caso, en la elección del tema del seminario o trabajo individual. La preparación de cada seminario será individual, así como la presentación con materiales de apoyo adecuados (previsiblemente powerpoint, animaciones digitales, conexión a navegador, videconferencia o Skype si fuera necesario etc). La presentación seguirá el formato de *speed presentation*.

## **Evaluación del aprendizaje de los estudiantes:**

**Asistencia:** mínimo 80% de las sesiones

Participación activa en el ejercicio práctico (campo, laboratorio, análisis de datos): 50%

Speed presentation (5 minutos) 25%

Presentación y discusión de los resultados del ejercicio práctico: 25%

En convocatoria extraordinaria, la evaluación consistirá en un examen escrito que representará el 100% de la nota final.

## **Recursos, bibliografía y documentación:**

Los artículos relevantes y los materiales estarán disponibles en pdf en el Campus Virtual.

### **Páginas web:**

<http://www.biodiv.org/default.shtml>

<http://www.biodiversityhotspots.org/xp/Hotspots/>

<http://www.biodiversity.org>

### **Textos básicos:**

Bryant, P. J. 2007. Biodiversity and Conservation, a hypertext book. Online en:  
<http://www.dbc.uci.edu/~sustain/bio65/Titlepage.htm>

Hartl D. L., Clark A. G. (2006) Principles of population genetics. Sinauer Associates Inc. Sunderland,

Krishnamurty, K. V. (2003) Textbook of Biodiversity. Science Publ. Inc., Enfield USA ISBN 978-1-57808-325-1; 2003; 276 pages.

### **Textos especializados:**

Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste and F. Bonhomme. 1996-2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.

Goudet, J. 1995. Acomputer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity 86:485-486.

Hauser, L. and R. D. Ward. 1998. Population identification in pelagic fish: the limits of molecular markers. 191-224 in G. R. Carvalho. Population identification in pelagic fish: the limits of molecular markers. IOS Press Series, Amsterdam.

Pritchard, J. K., M. Stephens and P. J. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155:945-959.

Schneider, S., D. Roessli and L. Excoffier. 2000. Arlequin ver. 2000: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.

Waples, R. S. 1998. Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. Journal of Heredity 89:439-450.

[Volver a la lista de asignaturas](#)