

Curso PEDECIBA Biología

Filogeografía 2025

Coordinador: Arley Camargo (arley.camargo@gmail.com, CENUR Noreste, Sede Rivera, Udelar)

Fechas de realización y duración total: 1/12/2025–12/12/2025 (66 horas: 54 presenciales, 12 online)

Lugar de realización: CURE, Sede Maldonado, Udelar.

Docentes participantes: Leticia Bidegaray (IIBCE-MEC, Uruguay), Rafael de Magalhães (Univ. Fed. Minas Gerais, Brasil), Fabricius Domingos (Univ. Fed. Paraná, Brasil), Matías Malleret (CONICET, Argentina) y Julio Rozas (Univ. de Barcelona, España)

Colaborador: Joaquín Villamil (Estudiante de doctorado, PEDECIBA Biología)

Resumen: El curso realizará una introducción a los conceptos básicos de diversidad genética y genealogías, incluyendo temáticas como: teoría coalescente, delimitación de poblaciones y especies, modelos de aislamiento con migración y modelos demográficos de poblaciones, tiempos de divergencia, difusión espacio-temporal, y filogeografía comparada. Los prácticos incluirán demostraciones del uso de programas para estimar modelos demográficos, delimitar especies, datar tiempos de divergencia, reconstruir patrones de difusión filogeográfica e inferencia de eventos compartidos entre múltiples taxa, utilizando secuencias de ADN y SNPs. Al final del curso, los estudiantes presentarán los resultados de los análisis realizados con sus propios datos o con datos disponibles públicamente.

Palabras claves: especiación, coalescente, genética de poblaciones, genealogía, secuencias de ADN, SNPs

Programa

Lunes 1/12: Introd. a la filogeografía, tiempos de divergencia, calibración y dataciones. Práctico: programas DnaSP, TCS, PopART, BEAST 2 y RelTime

Martes 2/12: Preparación de datos e introd. a scripting, partición de modelos evolutivos. Práctico: acceso a GenBank, programas modelFinder y IQTree

Miércoles 3/12: Teoría de coalescencia, generación de datos SNPs y elementos ultraconservados. Práctico: programa ms.

Jueves 4/12: Delimitación de poblaciones con datos Sanger y con datos SNPs. Práctico: programas Geneland, Structure y DAPC.

Viernes 5/12: Delimitación de especies I: métodos unilocus. Modelos de aislamiento con migración. Práctico: programas sGMYC, mPTP, ASAP, Migrate-N, JML, XLC, BPP4 y

FSC2.

Sábado 6/12: Delimitación de especies: métodos multilocus y machine learning. Práctico: programas BPP4, BEAST 2, delineate, delimitR, popai.

Lunes 8/12: Modelos demográficos con datos Sanger y con datos SNPs. Práctico: programas BEAST 2, FSC2 y Stairway Plot.

Martes 9/12: Modelos de difusión con datos Sanger y con datos SNPs. Práctico: programas BEAST 2, Spread3, EEMS y Range Expansion.

Miércoles 10/12: Approximate Bayesian Computation y Filogeografía comparada: Práctico: programas DIY-ABC, abcrf, msBayes.

Jueves 11/12: clases de consulta y preparación de presentaciones.

Viernes 12/12: presentaciones de análisis realizados por estudiantes.