

CURSO: Genética cuantitativa evolutiva

DOCENTES

Responsables: Pablo Fresia (IPMON), Hugo Naya (FAgro / IPMON)

Invitados: Fernando Álvarez-Valín (FCien), Héctor Romero (FCien), Pablo Inchausti (CURE)

OBJETIVO: Presentar, en modalidad teórico-práctica, los conceptos fundamentales de la genética cuantitativa evolutiva para que los estudiantes se familiaricen con las fuerzas que moldean la variabilidad genética. Se abordarán los aspectos centrales de la genómica, la genética de poblaciones y la genética cuantitativa, con énfasis en esta última y su vínculo con la evolución a distintas escalas temporales.

La genética cuantitativa estudia la herencia de caracteres poligénicos y ha experimentado un importante desarrollo desde la década de 1970, con aplicaciones al estudio de la evolución de las diferencias entre sexos, preferencias reproductivas, ciclos de vida, plasticidad fenotípica, tamaño corporal y otros rasgos morfológicos. Sin embargo, estos avances no se reflejan plenamente en los libros de texto clásicos ni en la oferta académica, pese a su relevancia actual. La disponibilidad de grandes volúmenes de datos, el desarrollo de métodos estadísticos para analizar cambios de rasgos en árboles filogenéticos (interespecífico) y en poblaciones a lo largo del tiempo (intraespecífico), y las limitaciones de la genómica para explicar por completo los rasgos cuantitativos hacen imprescindible la formación en esta área.

El curso revisará los fundamentos teóricos y mostrará cómo contrastarlos con datos de especies individuales y filogenias comparadas. Los participantes usarán R, un lenguaje de programación estadística de código abierto, para construir y evaluar modelos evolutivos.

PÚBLICO: Está dirigido estudiantes avanzados de las licenciaturas de Biología, Bioquímica, Matemática de Facultad de Ciencias, alumnos avanzados de Facultad de Agronomía y Facultad de Veterinaria, estudiantes de maestría y doctorado Pedeciba, maestría en Bioinformática y Biotecnología.

CAPACIDADES PREVIAS: Estadística: Probabilidad, probabilidad condicional, conceptos de máxima verosimilitud; manejo básico de la línea de comandos (Bash, R).

CONTENIDO:

Teórico

1. Módulo Genómica

1.1 Introducción a la genómica: variabilidad genética (variación a nivel del ADN, loci y alelos)

1.2 Introducción a la genómica: genómica composicional, comparativa, funcional

2. Módulo Genética de poblaciones

2.1 Constitución genética de las poblaciones: frecuencias alélicas y genotípicas (variación Mendeliana en poblaciones naturales, causas del cambio), Equilibrio de Hardy-Weinberg (aplicaciones de la ley de H-W, frecuencias de apareamiento y otras pruebas de la ley de H-W, alelos múltiples, genes ligados al sexo, mas de un locus), Apareamientos no al azar: *apareamiento selectivo*, identidad por ascendencia (IBD), generalización de H-W para apareamientos no aleatorios, endocría y depresión endogámica, coeficiente de endocría y los estadísticos F, efecto Wahlund, subdivisión migración y el modelo de islas, mecanismos de especiación.

2.2 Deriva genética: procesos estocásticos en genética, modelo de Wright-Fisher, subdivisión poblacional y evolución de las frecuencias alélicas, tamaño efectivo poblacional, aproximación de difusión, probabilidad de fijación y tiempos de fijación, el modelo coalescente.

2.3 Selección natural: concepto de *fitness*, un locus con dos alelos, diferentes formas de selección (direccional, estabilizadora, disruptiva), teorema fundamental de la selección natural, equilibrio selección-mutación, la fuerza de la selección natural, equilibrio selección-deriva, otros tipos de selección.

3. Módulo Genética cuantitativa

3.1 El modelo genético básico: variación continua y discreta, modelo genético básico para un locus con dos alelos, efecto métrico, valor reproductivo (o valor de cría), desvío de dominancia, interacción genotipo x ambiente, la varianza en el modelo genético básico.

3.2 Parentesco y semejanza entre parientes: parentesco aditivo, parentesco de dominancia, semejanza entre parientes, estimación de la varianzas aditiva y de dominancia, parentesco genómico, ascendencia (“ancestría”).

3.3 Heredabilidad y repetibilidad: heredabilidad en sentido amplio y sentido estricto, heredabilidad lograda, heredabilidad en poblaciones agronómicas/lab. vs. poblaciones naturales, heredabilidad y filogenética, heredabilidad en la era genómica, repetibilidad, la repetibilidad como herramienta en la predicción, evolucionabilidad.

3.4 Correlaciones y respuesta correlacionada: causas genéticas y ambientales de las correlaciones, introducción al “*path analysis*”, métodos para determinar la correlación genética, la correlación fenotípica y su relación con otras correlaciones, respuesta correlacionada, matrices de varianza-covarianza, ecuación del criador.

3.5. Endocría, exocría, consanguinidad y depresión endogámica: El aumento de la consanguinidad a partir del número de individuos, Depresión endogámica, Exocría y heterosis, Modelo genético de cruzamientos.

3.6 Normas de reacción e interacción genotipo x ambiente: Plasticidad fenotípica y normas de reacción, Interacción GxA en dos ambientes, Correlación genética a través de dos ambientes, Genética cuantitativa de la interacción GxA.

AGENDA:

MÓDULO TEÓRICO/PRÁCTICO				
Día-Fecha	Turno	Hora	Clase	Docente
Lun-7/09	Mañana	08:45 a 09:00	Presentación	H. Naya / P. Fresia
Lun-7/09	Mañana	09:00 a 10:30	[T] 1.1 Introducción a la genómica	H. Naya
Lun-7/09	Mañana	Coffee break		
Lun-7/09	Mañana	10:45 a 12:00	[T] 1.1 Introducción a la genómica: variabilidad genética (variación a nivel del ADN, loci y alelos)	H. Naya
Lun-7/09		Almuerzo		
Lun-7/09	Tarde	13:00 a 14:30	[T] 1.2 Introducción a la genómica: genómica composicional	H. Naya
Lun-7/09	Tarde	Coffee break		
Lun-7/09	Tarde	14:45 a 16:00	[T] 1.2 Introducción a la genómica: comparativa, funcional	H. Naya
Mar-8/09	Mañana	09:00 a 10:30	[T] 2.1 Constitución genética de las poblaciones: frecuencias alélicas y genotípicas (variación Mendeliana en poblaciones naturales, causas del cambio), Equilibrio de Hardy-Weinberg (aplicaciones de la	H. Naya

			ley de H-W, frecuencias de apareamiento y otras pruebas de la ley de H-W, alelos múltiples, genes ligados al sexo, mas de un locus)	
Mar-8/09	Mañana	Coffee break		
Mar-8/09	Mañana	10:45 a 12:00	[T] 2.1 Constitución genética de las poblaciones: Apareamientos no al azar: <i>apareamiento selectivo</i> , identidad por ascendencia (IBD), generalización de H-W para apareamientos no aleatorios, endocria y depresión endogámica, coeficiente de endocria y los estadísticos F, efecto Wahlund	H. Naya
Mar-8/09		Almuerzo		
Mar-8/09	Tarde	13:00 a 14:30	[T] 2.1 Constitución genética de las poblaciones: subdivisión migración y el modelo de islas, mecanismos de especiación	H. Naya
Mar-8/09	Tarde	Coffee break		
Mar-8/09	Tarde	14:45 a 16:00	[T] 2.2 Deriva genética: procesos estocásticos en genética, modelo de Wright-Fisher, subdivisión poblacional y evolución de las frecuencias alélicas, tamaño efectivo poblacional, aproximación de difusión	H. Naya
Miér-9/09	Mañana	09:00 a 10:30	[T] 2.2 Probabilidad de fijación alelica y tiempos de fijación, el modelo coalescente	H. Naya
Miér-9/09	Mañana	Coffee break		
Miér-9/09	Mañana	10:45 a 12:00	[T] 2.3 Selección natural: concepto de <i>fitness</i> , un locus con dos alelos, diferentes formas de selección (direccional, estabilizadora, disruptiva), teorema fundamental de la selección natural	H. Naya
Miér-9/09		Almuerzo		
Miér-9/09	Tarde	13:00 a 14:30	[T] 2.3 Selección natural: equilibrio selección-mutación, la fuerza de la selección natural, equilibrio selección-deriva, otros tipos de	H. Naya

			selección	
Miér-9/09	Tarde	<i>Coffee break</i>		
Miér-9/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de Poblaciones/Cuantitativa	H. Naya / P. Fresia
Jue-10/09	Mañana	09:00 a 10:30	[T] 3.1 <i>El modelo genético básico:</i> variación continua y discreta, modelo genético básico para un locus con dos alelos, efecto métrico, valor reproductivo (o valor de cría), desvío de dominancia, interacción genotipo x ambiente, la varianza en el modelo genético básico	H. Naya
Jue-10/09	Mañana	<i>Coffee break</i>		
Jue-10/09	Mañana	10:45 a 12:00	[T] 3.2 <i>Parentesco y semejanza entre parientes:</i> parentesco aditivo, parentesco de dominancia, semejanza entre parientes, estimación de la varianzas aditiva y de dominancia, parentesco genómico, ascendencia ("ancestría")	H. Naya
Jue-10/09		Almuerzo		
Jue-10/09	Tarde	13:00 a 14:30	[T] 3.3 <i>Heredabilidad y repetibilidad:</i> heredabilidad en sentido amplio y sentido estricto, heredabilidad lograda, heredabilidad en poblaciones agronómicas/lab. vs. poblaciones naturales, heredabilidad y filogenética, heredabilidad en la era genómica, repetibilidad, la repetibilidad como herramienta en la predicción, evolucionabilidad	H. Naya
Jue-10/09	Tarde	<i>Coffee break</i>		
Jue-10/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de Poblaciones/Cuantitativa	H. Naya / P. Fresia
Vie-11/09	Mañana	09:00 a 10:30	[T] 3.4 <i>Correlaciones y respuesta correlacionada:</i> causas genéticas y ambientales de las correlaciones, introducción al " <i>path analysis</i> ", métodos para determinar la	H. Naya

			correlación genética, la correlación fenotípica y su relación con otras correlaciones, respuesta correlacionada, matrices de varianza-covarianza, ecuación del criador	
Vie-11/09	Mañana	<i>Coffee break</i>		
Vie-11/09	Mañana	10:45 a 12:00	[T] 3.5. Endocría, exocría, consanguinidad y depresión endogámica: El aumento de la consanguinidad a partir del número de individuos, Depresión endogámica, Exocría y heterosis, Modelo genético de cruzamientos	H. Naya
Vie-11/09		Almuerzo		
Vie-11/09	Tarde	13:00 a 14:30	[T] 3.6 Normas de reacción e interacción genotipo x ambiente: Plasticidad fenotípica y normas de reacción, Interacción GxA en dos ambientes, Correlación genética a través de dos ambientes, Genética cuantitativa de la interacción GxA	H. Naya
Vie-11/09	Tarde	<i>Coffee break</i>		
Vie-11/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de Poblaciones/Cuantitativa	H. Naya / P. Fresia
MODULO PRACTICO - SALON INFORMATICA IPMON				
Lun-14/09	Mañana	09:00 a 10:30	[P] Genética de Poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Lun-14/09	Mañana	<i>Coffee break</i>		
Lun-14/09	Mañana	10:45 a 12:00	[P] Genética de Poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Lun-14/09		Almuerzo		
Lun-14/09	Tarde	13:00 a 14:30	[P] Genética de Poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia

Lun-14/09	Tarde	Coffee break		
Lun-14/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de Poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Mar-15/09	Mañana	09:00 a 10:30	[P] Genética de poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Mar-15/09	Mañana	Coffee break		
Mar-15/09	Mañana	10:45 a 12:00	[P] Genética de poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Mar-15/09		Almuerzo		
Mar-15/09	Tarde	13:00 a 14:30	[P] Genética de poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Mar-15/09	Tarde	Coffee break		
Mar-15/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de poblaciones: procesamiento de datos genómicos, mapeo, llamado de variantes y análisis de la variabilidad genética	P. Fresia
Mié-16/09	Mañana	09:00 a 10:30	[P] Genética de poblaciones: Análisis de la varianza	F. Alvarez-Valin
Mié-16/09	Mañana	Coffee break		
Mié-16/09	Mañana	10:45 a 12:00	[P] Genética de poblaciones: Análisis de la varianza	F. Alvarez-Valin
Mié-16/09		Almuerzo		
Mié-16/09	Tarde	13:00 a 14:30	[P] Genética de poblaciones: Análisis de la varianza	F. Alvarez-Valin
Mié-16/09	Tarde	Coffee break		
Mié-16/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Genética de poblaciones: Análisis de la varianza	F. Alvarez-Valin

Jue-17/09	Mañana	09:00 a 10:30	[P] Filogenética: filogenias, inferencia de filogenias para modelos lineales, métodos comparativos	H. Romero
Jue-17/09	Mañana	<i>Coffee break</i>		
Jue-17/09	Mañana	10:45 a 12:00	[P] Filogenética: filogenias, inferencia de filogenias para modelos lineales, métodos comparativos	H. Romero
Jue-17/09		Almuerzo		
Jue-17/09	Tarde	13:00 a 14:30	[P] Filogenética: filogenias, inferencia de filogenias para modelos lineales, métodos comparativos	H. Romero
Jue-17/09	Tarde	<i>Coffee break</i>		
Jue-17/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Filogenética: filogenias, inferencia de filogenias para modelos lineales, métodos comparativos	H. Romero
Vie-18/09	Mañana	09:00 a 10:30	[P] Modelos lineales mixtos incorporando filogenias como causa de correlación entre individuos/especies	P. Inchausti
Vie-18/09	Mañana	<i>Coffee break</i>		
Vie-18/09	Mañana	10:45 a 12:00	[P] Modelos lineales mixtos incorporando filogenias como causa de correlación entre individuos/especies	P. Inchausti
Vie-18/09		Almuerzo		
Vie-18/09	Tarde	13:00 a 14:30	[P] Modelos lineales mixtos incorporando filogenias como causa de correlación entre individuos/especies	P. Inchausti
Vie-18/09	Tarde	<i>Coffee break</i>		
Vie-18/09	Tarde	14:45 a 16:00	[P] Modelos lineales mixtos incorporando filogenias como causa de correlación entre	P. Inchausti

			individuos/especies	
--	--	--	---------------------	--

LUGAR: Institut Pasteur de Montevideo / Facultad de Ciencias, UdelaR

CUPO: 24