



PONTIFICIA
UNIVERSIDAD
CATÓLICA DE
VALPARAÍSO



UNIVERSIDAD TÉCNICA
FEDERICO SANTA MARÍA

DOCTORADO EN BIOTECNOLOGÍA PUCV – UTFSM

DBT 792 - GENÉTICA Y GENÓMICA EN PRODUCCIÓN ANIMAL

DESCRIPCIÓN GENERAL DEL CURSO

El curso electivo de postgrado en genética y genómica en producción animal trata acerca de los principios básicos de la genética y genómica aplicada a la cría selectiva de animales de granja y de acuicultura. Con una orientación eminentemente práctica este curso le proporcionará al estudiante competencias para diseñar y elaborar proyectos de análisis genético y genómico de caracteres cualitativos y cuantitativos, incluyendo entre otros: la estimación de parámetros genéticos como el coeficiente de parentesco y la consanguinidad tanto individual como poblacional; el diseño y la optimización de programas de mejora genética animal; el estudio de asociación genómica (GWAS) de rasgos de importancia económica usando Polimorfismos de nucleótido simple (SNP), la predicción y selección genómica, entre otros. Los contenidos del curso se explican usando ejemplos de diversos sistemas de producción animal y de acuicultura, mientras que el trabajo práctico se realiza principalmente usando el sistema operativo Linux y diferentes lenguajes de programación como R y Python, pero también otros software de genómica y bioinformática.

PREREQUISITOS DE CONOCIMIENTOS Y HABILIDADES

Este curso asume un conocimiento base de genética mendeliana y bioestadística, así como competencias base de programación en R y Shell de Unix. Los alumnos que no posean estos conocimientos y competencias deberán adquirirlos mediante trabajo individual de autoaprendizaje durante la primera parte del curso. Para ello los estudiantes accederán a una de las plataformas de autoaprendizaje más modernas del mundo denominada DataCamp (www.datacamp.com) la que estará disponible para su uso durante todo el curso.

PROFESOR

José Gallardo Matus jose.gallardo@pucv.cl

Doctor en Ciencias, mención en Ecología y Biología Evolutiva, Universidad de Chile

Profesor Adjunto de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso

Invitados

Por confirmar.

CONTENIDOS CENTRALES

UNIDAD 1. PRINCIPIOS DE GENÉTICA.

Introducción a la unidad

Se entregan los fundamentos de la genética de caracteres cualitativos y cuantitativos, así como de genética de poblaciones y cuantitativa necesarias para realizar análisis genéticos en animales.

Resultado de aprendizaje de la unidad

Al finalizar la unidad, el estudiante comprenderá conceptos fundamentales de genética tales como la base genética de caracteres cualitativos y cuantitativos, así como algunos principios de la genética poblacional y cuantitativa. También será capaz de aplicar métodos simples para el análisis de caracteres de importancia económica (cualitativos y cuantitativos), y resolver problemas relacionados a la determinación del parentesco y de la endogamia usando genealogías y marcadores genéticos.

Palabras clave

Genética mendeliana, genética poblacional, genética cuantitativa, loci de rasgos cuantitativos (QTL), parentesco, endogamia, breeding value.

Subtópicos

Subtópico 1.1.- Genética de caracteres cualitativos.

Subtópico 1.2.- Parentesco y consanguinidad.

Subtópico 1.3.- Genética poblacional.

Subtópico 1.4.- Genética de caracteres cuantitativos.

Unidad 2. PROGRAMAS DE MEJORA GENÉTICA

Introducción a la unidad

Se entregan los fundamentos de genética necesarias para comprender y aplicar programas de selección artificial, incluyendo los elementos clave del diseño y estructura de los programas de mejora genética y la selección de rasgos complejos en animales.

Resultado de aprendizaje de la unidad

Al finalizar la unidad, el estudiante comprenderá conceptos fundamentales del diseño y estructura de los programas de mejora genética, pudiendo estimar diferentes parámetros genéticos tales como la heredabilidad, el intervalo generacional, el diferencial de selección y la respuesta a la selección.

Palabras clave

Selección artificial, heredabilidad, ganancia genética.

Subtópicos

Subtópico 3.1.- Diseño y estructura de programas de mejora genética animal.

Subtópico 3.2.- Resultados de programas de mejora genética y estudios de caso.

UNIDAD 3. GENÓMICA APLICADA A LA PRODUCCIÓN ANIMAL

Introducción a la unidad

Se introduce el uso de Linux y supercomputadoras para el análisis genómico en animales. Se profundiza en la aplicación de tecnologías de secuenciación masiva (NGS) y Genotyping en mejora genética animal. También se entregan los fundamentos para realizar estudios de asociación genómico (GWAS), predicción genómica y selección genómica.

Resultado de aprendizaje de la unidad

Al finalizar la unidad, el estudiante será capaz de realizar un pipeline de análisis genómico a partir de datos de secuenciación masiva incluyendo el filtrado, alineamiento, mapeo a un genoma de referencia y llamado de SNP. También podrá realizar un análisis de estructura poblacional, de asociación genómico, y predicción genómica usando software especializados como Plink, GenABEL o Aegenet entre otros.

Palabras clave

Polimorfismos de nucleótido simple (SNP), Reference sequence (RefSeq), NGS, WGS, RAD-seq, Alineamiento y mapeo de secuencias a genoma de referencia, Genotyping, Matriz de parentesco genómico, ancestría, GWAS y predicción genómica.

Subtítulos

Subtítulo 2.1.-. Linux para genómica.

Subtítulo 2.2.-. Análisis de datos de Secuenciación masiva (NGS).

Subtítulo 2.3.- Genómica poblacional, estudios de asociación genómica y predicción genómica.

COMPONENTES DE EVALUACIÓN

- a) **Trabajo individual de autoaprendizaje:** Para aprobar el curso los alumnos deben completar las tareas de autoaprendizaje asignadas por el profesor.
- b) **Evaluación sumativa:** Durante el curso se entregará a los estudiantes tres tareas para resolver problemas y realizar ejercicios en forma individual o grupal, una para cada unidad. La nota final de aprobación se calculará como el promedio simple de las 3 tareas.

No entregar las tareas en el plazo establecido para ello será calificado con la nota mínima (1.0).

Es causal de reprobación de la asignatura, no cumplir con el mínimo de asistencia de un 80%. Esto es independiente de que las calificaciones parciales o totales sean mayores de 4.0.

BIBLIOGRAFÍA

1. Recursos Didácticos

Los recursos didácticos de aprendizaje a utilizar son:

- a) Guías de trabajo diseñadas y elaboradas por el profesor.

2. Bibliografía Obligatoria

Introducción a la genética cuantitativa

Por: Falconer, D. S [author].

Colaborador(es): Mackay, Trudy F.C [author].

Tipo de material: TextoTexto

Editor: Zaragoza Editorial Acribia 2006

Bioinformatics Data Skills

by Vince Buffalo

Copyright © 2015 Vince Buffalo. All rights reserved.

Printed in the United States of America.

Published by O'Reilly Media, Inc., 1005 Gravenstein Highway North, Sebastopol, CA 95472.

Primer to analysis of genomic data using R

Por: Gondro, Cedric [author].

Tipo de material: TextoTexto

Series Use R!.

Editor: Heidelberg Springer 2015

4. Webgrafía

Glosario hablado NHGRI.

<https://www.genome.gov/es/genetics-glossary>

Next-Generation Sequencing Glossary.

<https://www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing/beginners/glossary.html>

Genotyping: Terms to know.

<https://www.idtdna.com/pages/education/decoded/article/genotyping-terms-to-know>

Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA).

<https://omia.org/home/>

The Animal Quantitative Trait Loci (QTL) Database (Animal QTLdb).

<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>