



CURSO APLICADO
ANÁLISIS DE DATOS DE GENOTIPADO A GRAN ESCALA
20 al 22 de agosto, 2024
INIA La Platina, Av Santa Rosa 11610, La Pintana, Santiago

OBJETIVOS DEL CURSO:

- ✓ Conocer las diferentes técnicas de secuenciación genómica y genotipificación de alto rendimiento.
- ✓ Aprender a genotipar muestras biológicas por el método DArTseq.
- ✓ Adquirir los conocimientos esenciales sobre diversos métodos de análisis multivariados.
- ✓ Interpretar de manera correcta datos genéticos: Casos de Estudio.

PROGRAMA

DÍA 1	TEMA	INSTRUCTOR
9:00 - 10:00	FUNDAMENTOS DE LAS DIFERENTES VARIACIONES GÉNICAS (SNPs, INDELS) Usos y potencialidades de los marcadores moleculares en estudios genéticos	Marco Meneses
10:00- 11:00	SELECCIÓN DE TECNOLOGÍAS DE GENOTIPADO MASIVO (¿cuál?, ¿por qué?, ¿para qué?) Metodología de genotipado basado en la tecnología de arrays genómicos. Genotipado dirigido por secuenciación (GBS, ddRAD, DarTseq) Ventajas y desventajas de las diferentes tecnologías.	Giovanni Larama
11:00- 11:30	Coffee	
11:30- 13:00	SNPs CALLING CON/SIN GENOMA DE REFERENCIA, FORMATOS DE SALIDA (HAPMAP, VCF, CSV)	Giovanni Larama
13:00- 14:00	Lunch box	
14:00- 16:00	PROCESAMIENTO DE DATOS Obtención de los marcadores moleculares PAVs/SNPs con tecnología DArTseq/GBS	Guadalupe Valdez
16:00- 16:30	Coffee	

16:30-17:30	Tipos de filtrados y profundidad de filtrado en función del tipo de población analizado con tecnología DArTseq	Guadalupe Valdez
--------------------	--	-------------------------

DÍA 2

ANÁLISIS MULTIVARIADOS

Objetivo: Diferencias Interpretación y criterios de agrupamiento y formar de relacionar con datos fenotípicos

DÍA 2	TEMA	INSTRUCTOR
9:00 - 10:00	Estadística descriptiva (PIC values, Ho, He, SNPs génicos)	Angela Pacheco
10:00-11:00	ESTRUCTURA POBLACIONAL (Structure-Admixture, DAPC, K-Means, VAE) Los métodos y sus interpretaciones	Marco Méndez
11:00-11:30	Coffee	
11:30-13:00	ESTRUCTURA POBLACIONAL (Structure-Admixture, DAPC, KMeans, VAE) Los métodos y sus interpretaciones	Marco Méndez
13:00-14:00	Lunch box	
14:00-15:00	RELACIONES (PCoA, dendogramas - métodos de agrupamiento y distancias)	Angela Pacheco
15:00-16:00	Interpretación de matrices de datos fenotípicos y genéticos	Angela Pacheco

DÍA 3

ESTUDIOS DE CASOS

Se analizará estudios en cuanto a su el diseño, análisis e interpretación de resultados

DÍA 3	TEMA	INSTRUCTOR
9:00 - 11:00	Estudios de caso- Uso de Bio-R EJEMPLO 1 (Datos DArTseq Maíz)	Angela Pacheco/Guadalupe Valdez

	EJEMPLO 2 (Incorrecto) #indicaciones previas al envío de muestras para secuenciación masiva-objetivo de proyecto	
11:00- 11:30	Coffee	
11:30- 13:00	Estudios de caso: Uso de Bio-R EJEMPLO 1 (interacción de datos genéticos- fenotípicos de la raza de maíz chapalote (raza mexicana) EJEMPLO 2 (Incorrecto)	Angela Pacheco/ Guadalupe Valdez
13:00- 14:00	Lunch box	
14:00- 16:00	Estudios de caso- Uso de Bio-R EJEMPLO 1 (Datos obtenidos con ddRAD, convertido a Frecuencias Alélicas y su interpretación en Bio-R) EJEMPLO 2 (Incorrecto)	Angela Pacheco/ Guadalupe Valdez

INSTRUCTORES

ANGELA PACHECO (CIMMYT), GUADALUPE VASQUEZ (CIMMYT), MARCO MENDEZ (UCHILE),
MARCO MENESES (INIA), GIOVANNI LARAMA (UFRO)

REQUISITOS INFORMATICOS MINIMOS

Notebook con las siguientes características:

- ✓ Sistema operativo: Windows o Linux o Mac
- ✓ Tipo de Sistema Operativo: 64 bits
- ✓ Memoria: 16 GB
- ✓ Disco Duro (HDD): 2 GB
- ✓ Programas: RStudio, R paquetes instalados (a definir)

REQUISITOS PREVIOS

Dirigidos a estudiantes de post grado e investigadores que trabajan en análisis genéticos de poblaciones con plataformas de alto rendimiento. Conocimiento nivel medio de estadística, genética y Rstudio

DURACION



Duración equivalente a 20 horas. Tres días, 20 alumnos máximo

FECHA DE REALIZACION

20-22 de agosto, 2024

LUGAR

INIA La Platina, Av. Santa Rosa 11610, La Pintana, Santiago

DIPLOMA

Finalizado el curso se entregará un diploma acreditativo

INSCRIPCIONES

Contacto: Erika Salazar- creg.chile@gmail.com

** Inscripción gratuita – cupos limitados (25 personas), se debe postular en base a carta de interés.*

¿qué es CREG Chile?

Es la Comunidad de Práctica de Recursos Genéticos de Chile que se está creando para fortalecer nuestras capacidades en el estudio de los recursos genéticos del país.

INSTRUCTORAS/ES



Científica asociada del Centro Internacional de mejoramiento de maíz y trigo, CIMMYT, especialista en Estadísticas Agrícolas Aplicadas-Biometría, enfocada en investigar y aplicar técnicas estadísticas para colaborar con técnicos y científicos en el desarrollo y obtención de resultados de proyectos ganaderos y agrícolas, e interpretación de datos; desarrollar softwares estadísticos para facilitar el análisis de datos.



Bióloga, Maestra en ciencias, especialista en generación y análisis de datos moleculares, coordinadora del laboratorio de servicio de análisis genético para la agricultura del Centro Internacional de mejoramiento de maíz y trigo, CIMMYT. responsable del flujo de trabajo y el multiplexado de muestras en secuenciadores de alto rendimiento, así como de la implementación y estandarización de protocolos de reducción de complejidad de genomas para el análisis de múltiples especies, responsable en la realización óptima de análisis genéticos, según el objetivo de la investigación.



Profesor Titular del Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias de la Universidad de Chile, Doctor en Ciencias, mención Zoología y Magister en Filosofía de la Ciencias. Su línea de investigación se orienta a la sistemática y evolución de las especies del Altiplano Andino, enfatizando en entender los factores que promueven la divergencia entre especies. Como línea de investigación emergente, se ha interesado por la Genética para la Conservación, enfatizando el componente genético-evolutivo de los linajes. Recientemente, ha comenzado a indagar en aspectos asociados a la Filosofía de la Naturaleza y la Conservación Biológica. Adicionalmente, ha incursionado en aspectos relacionados con la Comunicación de la Ciencia.



Bioinformático, MSc. en modelamiento matemático, investigador en Universidad de La Frontera. Dedicado al análisis bioinformático de datos provenientes de secuenciación masiva. Posee amplia experiencia en el procesamiento de datos para la generación de SNPs y su integración con datos transcriptómicos. Su enfoque se basa en la teoría de redes para identificar genes candidatos, permitiendo así una comprensión más profunda de las interacciones genéticas y su influencia en los fenotipos. Ha trabajado en diversos proyectos que abarcan desde la caracterización genética de cultivos hasta la identificación de marcadores moleculares asociados a rasgos de interés agronómico. Además, su labor contribuye al avance de estrategias de mejoramiento genético mediante el uso de herramientas bioinformáticas avanzadas y análisis integrativos de datos genómicos y transcriptómicos.



Bioquímico y Doctor en Ciencias Silvoagropecuarias. Asistente de investigación en el laboratorio de Biotecnología Vegetal del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA La Platina). Dedicado al estudio de la genética en especies frutales, particularmente en vid. Con experiencia en técnicas de biología molecular y análisis de datos provenientes de ensayos relacionados con secuenciación masiva. Entusiasta en el uso de las aproximaciones “-ómicas” como herramientas de análisis para el quehacer científico.