

Periodo: 201902

Grupo: 001

Materia: 60049 Mapeo genético avanzado

Profesor: MATHIAS LORIEUX

Departamento: CBI

NRC: 10547

La Dirección de la Maestría en Biotecnología certifica que en el marco de la ejecución del programa ÓMICAS "Optimización Multiescala In-silico de Cultivos Agrícolas Sostenibles (Infraestructura y validación en Arroz y Caña de Azúcar" proyecto 6 " Hacia el desarrollo de nuevas variedades de cultivo con mayor eficiencia en el uso de recursos, adaptación al cambio climático y resistencia a enfermedades, mediante tecnologías ómicas - seguridad alimentaria", se dictó el curso "Sistema Mapeo genético avanzado " los días 06, 07, 13 y 14 de diciembre del año 2019, con un número total de 32 horas y en el cual se contó con la participación de 7 estudiantes. Se adjunta contenido del curso dictado

Cordialmente,



Paola Andrea Caicedo Burbano, Ph.D.

Directora Maestrías en Biotecnología
Departamento de Ciencias Biológicas
Facultad de Ciencias
Naturales Universidad
Icesi

Tel: (72) 5552334 Ext.: 8073

e-mail: directormb@icesi.edu.co

Código-Materia: CBI-60050 Mapeo Genético Avanzado

Requisitos: Genómica, Bioinformática

Programa-Semestre: Biología, 8^{vo} semestre

Periodo académico: 2019-2

Intensidad semanal: 16, 2 semanas (curso intensivo)

Profesores: Mathias Lorieux, Thaura Ghneim-Herrera

Créditos: 3

Descripción del Curso

El énfasis actual del curso es el análisis de asociación genotipo-fenotipo, con el fin de descifrar la arquitectura genética de los caracteres fenotípicos. El curso consta de dos componentes: (1) conferencias sobre temas importantes y actuales en el mapeo de genes, así como (2) ejercicios prácticos que se llevarán a cabo con los últimos programas de mapeo. El curso se divide en cuatro módulos. Módulo 1 trata de aspectos prácticos y teóricos de la construcción de mapas genéticos. Módulo 2 explora la teoría de la búsqueda de loci de caracteres cuantitativos (QTL). Módulo 3 expone el análisis de mapeo por asociación (GWAS) y mapeo por asociación anidado (NAM). Módulo 4 expone mapeo por mutantes, identificación de genes candidatos, validación por OGM y edición génica.

Objetivos

General: Capacitar los estudiantes construcción de mapas genéticos, en mapeo de genes y poligenes (QTL), mapeo por asociación, mapeo por mutantes e identificación de genes candidatos.

Terminales:

Al finalizar el curso el estudiante estará en capacidad de:

- 1-Simular un mapa genético y una población en segregación
- 2-Calcular un mapa genético y verificar su solidez por diferentes medios
- 3-Estimar la recombinación local
- 4-Realizar búsquedas de QTL a través de diferentes métodos
- 5-Convertir archivos VCF a HapMap
- 6-Realizar búsquedas de QTL por GWAS
- 7-Entender los principios de identificación de genes por análisis de mutantes T-DNA
- 8-Entender las bases de TILLING y ECO-TILLING
- 9-Utilizar Genome Browser y otras herramientas *online*
- 10-Familiarizarse con diferentes programas de genética (MapDisto, R/qtl, GIGWA, TASSEL, SNPplay...)

De formación académica:

Unidad 1- Bases del mapeo de genes y la construcción de mapas genéticos

Se recordarán los elementos claves históricos del nacimiento de la genética. Se estudiarán las bases del mapeo genético y las diferencias entre un mapa físico y un mapa genético. Se analizarán las ventajas que ofrecen los diversos tipos de marcadores moleculares utilizados en el mapeo de genes. Además se contemplarán los aportes de la genómica a la genética, en particular el análisis de variantes utilizando datos de secuencia de próxima generación.

Unidad 2- Detección de QTL

Se recordarán definiciones de caracteres cuantitativos. Se explicarán las bases teóricas de la identificación de QTL utilizando diferentes técnicas

estadísticas (marcador simple, intervalo, intervalo compuesto, intervalo múltiple, bayesiano, interacción entre QTL, BSA). Se considerarán aspectos estadísticos (distribución del rasgo, intervalo de confianza, estimación de aditividad y dominancia, epistasis).

Unidad 3-. Análisis de mapeo por asociación (GWAS) y mapeo por NAM

Se recordarán definiciones de genética poblacional (estructuración, diversidad alélica). Se explicarán las bases teóricas de la identificación de QTL utilizando paneles de asociación, con enfoque a SNP y haplotipos. Se abordará la similitud del GWAS con la primera etapa de la selección genómica. Se presentará el enfoque del mapeo por asociación anidado (NAM) con un ejemplo práctico.

Unidad 4-. Mapeo por mutantes, identificación de genes candidatos, validación por OGM y edición génica

Se presentará la construcción de librerías de mutantes ADN-T y su caracterización molecular y fenotípica, así como su utilización para la identificación de genes. Se expondrán métodos de búsqueda de genes candidatos en regiones genómicas. Se hará una exposición breve de metodologías para validar genes candidatos usando complementación funcional o edición de genes. En esta unidad también se dedicará un tiempo para resumir y recordar los conceptos clave curso.

De formación en valores y capacidades:

Al terminar el curso cada estudiante habrá tenido la oportunidad de reflexionar sobre los siguientes valores, así como de desarrollar estas capacidades:

- Responsabilidad por su propio aprendizaje y desarrollo.
- Cumplimiento y responsabilidad con los horarios y deberes de la clase.
- Concientización de la relevancia de la información y responsabilidad en la aplicación de la misma a situaciones de la vida real.
- Adquisición de una mayor retención del conocimiento.

Metodología

- Discusión de las lecturas asignadas.
- Intervenciones magistrales del profesor, bien sea para aclarar conceptos o para realizar la síntesis de una discusión.
- La realización de talleres sobre casos prácticos.
- Presentación y discusión de investigaciones realizadas por el estudiante.

Actividades del estudiante

Antes de la clase:

- El estudiante completará las lecturas asignadas.
- El estudiante realizará un mapa conceptual por cada lectura asignada.

Durante la clase:

- El estudiante discutirá activamente las lecturas asignadas y las intervenciones magistrales del profesor, dando su opinión, contestando las preguntas realizadas por el docente, o realizando preguntas sobre el tema en disertación.
- El estudiante llevará a cabo talleres de profundización sobre el tema estudiado en clase, siguiendo de forma aplicada las instrucciones dadas por el profesor, y entregando antes de terminar la clase, los resultados para cada ejercicio propuesto.
- El estudiante responderá las preguntas de los dos parciales propuestos por el profesor.
- El estudiante al final del curso realizará una presentación oral tipo poster en donde expondrá y defenderá su trabajo de investigación.

Después de la clase:

- El estudiante repasará los temas estudiados en clase.
- El estudiante complementará lo aprendido en clase realizando revisiones sobre los temas estudiados en clase usando como guía el material bibliográfico.
- El estudiante hará uso de lo aprendido en clase de forma gradual para elaborar su trabajo de investigación.
- Entregar los resultados y análisis crítico de temas específicos asignados.
- Entregar en el tiempo acordado y estipulado por el profesor, las tareas asignadas.

Evaluación

Esquema de Evaluación:

	% Calificación
Primer parcial	35
Segundo parcial	35
Seminarios	30

Bibliografía

El docente proveerá la documentación bibliográfica pertinente. Se sugiere la revisión de los siguientes artículos, los cuales proveen conceptos fundamentales discutidos en el curso.