



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2025-04843634- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión
10/11/2025

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **GWAS para el Estudio de Caracteres Complejos en Plantas: de las Asociaciones a la Función** para el año 2026,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 10 de noviembre de 2025,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES**

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el nuevo curso de posgrado **GWAS para el Estudio de Caracteres Complejos en Plantas: de las Asociaciones a la Función** de 54 horas y 1 semana de duración, que será dictado por los Dres. Verónica V. Lia, Corina Fusari y Matias Domínguez, con la colaboración de los Dres. James B. Holland, Norma Paniego, Carla Filippi, Mónica Fass y Guadalupe Domínguez y el Mg. Julio Di Rienzo.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado **GWAS para el Estudio de Caracteres Complejos en Plantas: de las Asociaciones a la Función** que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el invierno de 2026.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de dos (2) puntos para la Carrera de Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Establecer un arancel de **CATEGORÍA MEDIA**, estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N.º 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/0.

ARTÍCULO 5º: Disponer que, de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6º: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase a ECOLOGIA#FCEN y resérvese.

ANEXO

GWAS para el Estudio de Caracteres Complejos en Plantas: de las Asociaciones a la Función

PROGRAMA

OBJETIVOS

El curso tiene como objetivo brindar a los participantes una visión integral de los fundamentos y aplicaciones del mapeo por asociación (GWAS) en plantas, enfatizando su utilidad para comprender la base genética de caracteres complejos y explorar la diversidad natural. A lo largo de la capacitación se abordarán los principios metodológicos y analíticos necesarios para diseñar experimentos robustos, interpretar resultados y aplicar este enfoque en distintos contextos, desde estudios básicos de biología vegetal hasta proyectos orientados a la conservación, la adaptación al ambiente y el mejoramiento de especies de interés económico y social. Mediante la integración de clases teóricas y actividades prácticas, el curso busca capacitar a los participantes en el uso estratégico de GWAS para impulsar la investigación y la innovación en el campo de la genómica de plantas.

PROGRAMA ANALÍTICO

El programa propuesto está diseñado para introducir a los participantes en los conceptos y técnicas clave en el campo del mapeo por asociación. Esto incluirá: 1) diseño experimental, 2) selección del/los caracteres fenotípicos y de la población de mapeo por asociación, 3) caracterización de la población en términos de fenotipo, genotipo, estructura poblacional y relaciones de parentesco; 4) pruebas de asociación; 5) interpretación de los resultados; y 6) validación funcional y sus aplicaciones.

Contenidos teóricos:

Poblaciones de mapeo. Poblaciones biparentales y de mapeo por asociación. Características, ventajas y desventajas. Selección de la población. Construcción de una población de mapeo. Otros tipos de poblaciones: NAM y MAGIC.

Fenotipado. Diseño experimental en estudios de mapeo en cultivos. Selección de caracteres y enfoques estadísticos para el modelado de variables. Transformación de variables. ¿BLUPs o BLUEs? Nuevas estrategias de fenotipado de alto rendimiento: plataformas automatizadas y drones.

Genotipado. Métodos de genotipado de nueva generación. Curado de datos e imputación: datos faltantes, frecuencia alélica mínima (MAF), prueba de equilibrio de Hardy-Weinberg, análisis de desequilibrio de ligamiento (LD). Anotación de variantes.

Asociaciones fenotipo-genotipo. Análisis de estructura poblacional y parentesco. Modelos de asociación (naive, Q, K, Q+K). Enfoques de locus único vs. multilocus. Métodos de corrección por comparaciones múltiples. Efectos alélicos.

Interpretación y validación de resultados. De SNPs asociados a selección de genes candidatos.

Priorización de SNPs: colocación, anotación funcional, integración del análisis de LD con datos de secuenciación para sustentar la selección de genes candidatos. Meta-análisis de QTL. Validación de genes candidatos: genética reversa y análisis funcional.

ACTIVIDADES PRÁCTICAS PROPUESTAS

- Trabajo Práctico 1. Fenotipado. Diseño experimental y modelado de caracteres con datos reales. Estudios de caso. Sesión práctica utilizando R.
- Trabajo Práctico 2. Genotipado Parte 1. Tipos de matrices de datos, cálculo de la frecuencia alélica mínima (MAF), análisis de diversidad y análisis de agrupamiento. Anotación de variantes. Sesión práctica utilizando R.
- Trabajo Práctico 3. Genotipado Parte 2. Estimación de desequilibrio de ligamiento. Visualización de haplotipos. Identificación de SNPs representativos (tag SNPs). Sesión práctica utilizando R y Linux.
- Trabajo Práctico 4. Asociaciones fenotipo-genotipo Parte 1. Análisis de estructura poblacional y relaciones de parentesco. Aplicación de métodos frecuentistas y Bayesianos. Comparación de aproximaciones. Análisis de casos reales. Ajuste y evaluación de modelos de asociación. Sesión práctica utilizando R y otras herramientas de software.
- Trabajo Práctico 5. Asociaciones fenotipo-genotipo Parte 2. Ajuste y evaluación de modelos de asociación (continuación). Análisis de resultados y visualización. Gráficos Manhattan y Q-Q Plots. Corrección por comparaciones múltiples. Comparación de resultados con diferentes umbrales. Sesión práctica utilizando R y otras herramientas de software.
- Trabajo Práctico 6. Seminarios. Discusión de casos de estudios. Presentación de ejemplos prácticos y experiencias en enfoques de mapeo por asociación.

BIBLIOGRAFIA

- Akula N., Baranova A., Seto D., Solka J., Nalls M. A., Singleton A., ... &

- McMahon F. J. (2011). A network-based approach to prioritize results from genome-wide association studies. *PloS one*, 6(9), e24220.
- Balding D. J. (2006). A tutorial on statistical methods for population association studies. *Nature reviews Genetics*, 7(10), 781–791.
 - Benjamini Y. & Hochberg Y. (1995). Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *J Royal Stat Soc B: series B (Methodological)*, 57(1), 289-300.
 - Boyle E. A., Li Y. I., & Pritchard J. K. (2017). An Expanded View of Complex Traits: From Polygenic to Om-nigenic. *Cell*, 169(7), 1177–1186.
 - Clauw P., Ellis T. J., Liu H. J., & Sasaki E. (2025). Beyond the standard GWAS—a guide for plant biologists. *Plant and Cell Physiology*, 66(4), 431-443.
 - Demirjian C., Vailleau F., Berthomé R., & Roux F. (2023). Genome-wide association studies in plant pathosystems: success or failure?. *Trends in plant science*, 28(4), 471-485.
 - Holland J. B., & Piepho H. P. (2024). Don't BLUP twice. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 14(12), jkae250.
 - Khera A. V., Chaffin M., Aragam K. G., Haas M. E., Roselli C., Choi S. H., Natarajan P., Lander E. S., Lubitz S. A., Ellinor P. T., & Kathiresan, S. (2018). Genome-wide polygenic scores for common diseases identify individuals with risk equivalent to monogenic mutations. *Nature genetics*, 50(9), 1219–1224.
 - Liu X., Tian D., Li C., Tang B., Wang Z., Zhang R., ... & Song, S. (2023). GWAS Atlas: an updated knowledgebase integrating more curated associations in plants and animals. *Nucleic Acids Research*, 51(D1), D969-D976.
 - Matthews LJ, & Turkheimer E. (2022) Three legs of the missing heritability problem. *Stud Hist Philos Sci*, doi.org/10.1016/j.shpsa.2022.04.004
 - Mbatchou J, Barnard L, Backman J, Marcketta A, Kosmicki JA, Ziyatdinov A, Benner C, O'Dushlaine C, Barber M, Boutkov B, Habegger L, Ferreira M, Baras A, Reid J, Abecasis G, Maxwell E, Marchini J. (2021).
 - Computationally efficient whole-genome regression for quantitative and binary traits. *Nature genetics*, 53(7), 1097-1103.
 - Rafalski J. A. (2010). Association genetics in crop improvement. *Current opinion in plant biology*, 13(2), 174-180.
 - Schaid D. J., Chen W., & Larson N. B. (2018). From genome-wide associations to candidate causal variants by statistical fine-mapping. *Nature Reviews Genetics*, 19(8), 491-504.
 - Segura V., Vilhjálmsson B. J., Platt A., Korte A., Seren Ü., Long Q., & Nordborg M. (2012). An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nature genetics*, 44(7), 825-830.
 - Stich B., Mohring J., Piepho H.P., Heckenberger M., Buckler E.S., & Melchinger A.E. Comparison of mixed-model approaches for association mapping. (2008). *Genetics* 178:1745-1754.

- Tam V., Patel N., Turcotte M., Bossé Y., Paré G., & Meyre D. (2019). Benefits and limitations of genome-wide association studies. *Nature Reviews Genetics*, 20(8), 467-484.
- Tibbs Cortes, L., Zhang, Z., & Yu, J. (2021). Status and prospects of genome-wide association studies in plants. *The plant genome*, 14(1), e20077.
- Turner S., Armstrong L. L., Bradford Y., Carlson C. S., Crawford D. C., Crenshaw A. T., & Ritchie, M. D. (2011). Quality control procedures for genome-wide association studies. *Current protocols in human genetics*, 68(1), 1-19.
- Uffelmann, E., Huang, Q. Q., Munung, N. S., De Vries, J., Okada, Y., Martin, A. R., Martin, H. C., Lappalainen, T., & Posthuma, D. (2021). Genome-wide association studies. *Nature Reviews Methods Primers*, 1(1), 1-21.
- Yu J., Pressoir G., Briggs W. H., Vroh Bi I., Yamasaki M., Doebley, J. F., ... & Buckler, E. S. (2006). A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nature genetics*, 38(2), 203-208.