



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 499.496/11

Buenos Aires,

06 OCT 2014

VISTO:

la nota de fecha 04/08/2014, presentada por la Dra. Viviana Confalonieri, Directora del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Introducción al análisis de datos genéticos con R**, que será dictado en el segundo cuatrimestre de 2014 (del 27/10/2014 al 07/11/2014) por el Dr. Juan César Vilardi,

CONSIDERANDO:

- lo actuado por la Comisión de Doctorado,
- lo actuado por la Comisión de Postgrado,
- lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración
- lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,
- 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
RESUELVE:**

Artículo 1°: Aprobar el curso de posgrado **Introducción al análisis de datos genéticos con R**, de 60 horas de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **Introducción al análisis de datos genéticos con R** obrante a fs 37 a 40 del expediente de la referencia.


Artículo 3°: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

Artículo 4°: Aprobar un arancel de 200 módulos. Disponer que los montos recaudados sean utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Postgrado (con fotocopia del programa incluida). Comuníquese a la Dirección de Alumnos (sin fotocopia del programa). Cumplido, archívese.

RESOLUCIÓN CD N° 2301
SP-GA- 04/09/2014


D. JOSÉ OLABE IPARRAGUIRRE
SECRETARIO DE POSGRADO
FOTOLIBRA


DR. JUAN CARLOS VILARDI
DECANO

Programa del curso

Introducción.

Qué es R? Por qué usar R? Ventajas de R sobre otros entornos. Tipo de marcadores y Sistemas Genéticos. Objetivos de Estudios Genéticos Poblacionales.

Conceptos básicos del uso de R

La página web de R: "The Comprehensive R Archive Network" (CRAN). Manuales disponibles. Instalación y uso de R en distintos sistemas operativos. La página de inicio. Interfases gráficas disponibles. Espacio de trabajo. Directorio de trabajo. Operadores elementales. Funciones o comandos básicos. Guardado de datos. Guardado de historial de comandos. Instalación y Carga de Paquetes mediante la línea de comandos y usando interfases gráficas. Diferencia entre los conceptos instalar y cargar. Paquetes para análisis de datos genéticos y ecológicos. Cierre de sesión

Los objetos en R

Variables. Vectores. Matrices. Tablas de datos ("data frames"). Funciones. Organización y manejo de los datos. Preparación de los datos en hojas de cálculo. Exportación de datos: formatos compatibles. Importación de datos desde R. Recodificación de datos = conversión de objetos. Objetos con datos genéticos. Tablas de datos. Objetos genind. Objetos genpop. Objetos hierfstat. Tipos de marcadores genéticos. Microsatélites. SNP. Secuencias de ADN. Secuencias proteicas.

Análisis estadísticos elementales, simulaciones y

Correlación y regresión entre dos variables. Gráficos elementales: el comando *plot()*. Introducción a la definición de fórmulas. Generación de números aleatorios con diferentes distribuciones. Simulación de datos con distribución normal. Datos binarios y simulación de la deriva genética. Muestreo aleatorio y remuestreo de datos por "bootstrap" y "jackknife" usando la función *sample()*. Creación de funciones en R.

Análisis de datos genético-poblacionales

Tipos de marcadores. Loci codominantes, loci dominantes, secuencias de ADN, secuencias proteicas. Datos Poblacionales Básicos. Número de Alelos por población. Número de Alelos por locus. Frecuencias alélicas. Heterocigosidad observada y esperada. Graficación de resultados.

Funciones plot() y text(). Mejora del aspecto de los gráficos. Comparación entre H observada y H esperada. Prueba de ajuste a Hardy Weinberg. Ji cuadrado tradicional y simulación de Monte Carlo. Ajuste para comparaciones múltiples.

Análisis de Estructura Poblacional y Diferenciación Genética

Estadísticos F . Significación de los estadísticos F por permutaciones. Análisis Jerarquizado de Estructura Genética. Estimación de Componentes de la Varianza. Intervalos de Confianza para los Componentes de Varianza y Estadísticos F . Estimación de Distancias. Datos genotípicos. Datos de secuencias. Análisis de agrupamiento. Test para Hipótesis de Aislamiento por Distancia. Manejo de datos Presencia/Ausencia. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA). Preparación de los datos. Estimación de componentes de varianza y estadísticos Phi (Φ). Significación de los resultados por test de permutaciones.

Análisis de rasgos cuantitativos

Simulación de datos cuantitativos: Valores fenotípicos y valores reproductivos. Toma de muestras y diseño experimental. Simulación de cruzamientos. Análisis de componentes de la varianza para un modelo de medios hermanos. Aplicación de un modelo lineal mixto ajustado por máxima verosimilitud. Estimación de la heredabilidad del rasgo.

Bibliografía recomendada

Bates D.M. 2010. lme4: Mixed-effects modeling with R. Springer. <http://lme4.r-forge.r-project.org/IMMwR/lrgprt.pdf>

Benjamini, Y.; Bretz, F.; Sarkar, S. K. 2004. Recent Developments in Multiple Comparison Procedures. IMS lecture notes-monograph series, 47. Beachwood, Ohio : Institute of Mathematical Statistics.

Chessel D., Dufour A.B., Thioulouse J. 2004. The ade4 package - I: One-table methods. *R News*, 4:5-10.

Crawley, M. J. 2007. The R Book. John Wiley & Sons Ltd, The Atrium, Southern Gate, Chichester, West Sussex PO19 8SQ, England.