



PROGRAMA DOCTORADO EN CIENCIAS SILVOAGROPECUARIAS Y VETERINARIAS
Genética Avanzada

I. IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD CURRICULAR	
Código	AG100403 D1
Semestre en que se imparte	2
Día(s) en que se imparte	Lunes
Horario(s)	9:00 a 13:00
Pre-requisitos	
Horas directas semanales	3.5
Horas indirectas semanales	7
Créditos	
Coordinador General (CG)	Verónica Cambiazo
Correo electrónico CG	vcambiaz@inta.uchile.cl
Ayudante	Nombre Apellido 1 y Apellido 2
Correo electrónico ayudante	Correo electrónico de la universidad

II. ACADÉMICOS PARTICIPANTES			
Nombre-Apellido	Grado	Universidad donde obtuvo el grado	Organización de filiación
Verónica Cambiazo	Doctora	Universidad de Chile	Universidad de Chile
Mauricio González	Doctor	P. Universidad Católica de Chile	Universidad de Chile
Christian Hodar	Doctor	Universidad de Chile	Universidad de Chile
Herman Silva	Doctor	Universidad de Rutgers	Universidad de Chile
Igor Pacheco	Doctor	Universidad de Milán	Universidad de Chile
Cristian Araneda	Doctor	Universidad de Chile	Universidad de Chile
Víctor Martínez	Doctor	Universidad de Edimburgo	Universidad de Chile
Rodrigo Infante	Doctor	Universidad de Bolonia	Universidad de Chile
Lee Meisel	Doctora	Universidad de Rutgers	Universidad de Chile
Roberto Neira	Doctor	Universidad de California-Davis	Universidad de Chile

III. PROPÓSITO
Esta asignatura tiene por objetivo que el estudiante adquiera conocimientos teóricos de Genética que son fundamentales para su aplicación en el Mejoramiento Genético. Se espera que el desarrollo de esta asignatura permita: (1) fortalecer la comprensión de los principios y los mecanismos centrales de la organización, replicación, expresión y variación del material genético, así como los métodos de análisis genéticos y avances derivados de la era post-genómica, (2) integrar el análisis genético en sus distintos niveles de complejidad (molecular, celular, individual, poblacional) para resolver de manera coherente distintos problemas en el ámbito de la Genética, (3) identificar y proponer soluciones científicas a problemas relacionados con la investigación genética tanto a nivel molecular como de organismo.

IV. COMPETENCIA(S) ESPECÍFICA(S)

CE2: Elabora proyectos de investigación científica y/o tecnológica que resuelvan problemas complejos del área de las ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, participando de equipos interdisciplinarios, en la búsqueda de soluciones innovadoras que contribuyan al desarrollo social y ambiental.

V. COMPETENCIA(S) GENÉRICA(S)

CG1: Comunica sus ideas de manera oral y escrita, utilizando estrategias de expresión, pertinentes con el área de las ciencias, para generar propuestas científicas en español e inglés, para diversas audiencias.

CG3: Utiliza habilidades de pensamiento crítico, relacionadas con el análisis y síntesis de información, que le permitan debatir y defender su posición, mediante explicaciones respaldadas con evidencia válida y confiable.

VI. METODOLOGÍA DOCENTE

La metodología consiste en clases expositivas, en ellas los estudiantes serán alentados a participar formulando preguntas y/o emitiendo comentarios que favorezcan el desarrollo de la clase.

Al finalizar cada eje de conocimiento, los estudiantes rendirán un control que incluirá el material y las lecturas cubiertas en las clases expositivas.

Además, los estudiantes deberán abordar una pregunta de investigación relacionada y complementaria a uno de los temas tratados en las clases y desarrollarla a través de una tesina de manera individual. Las preguntas de investigación serán formuladas por los profesores del curso quienes guiarán el desarrollo de la tesina. El desarrollo del proyecto será evaluado mediante informes durante el semestre y el proyecto final mediante una presentación oral y un escrito al término del semestre.

VII. EVALUACIÓN

Tipo de Evaluación	Resultado de Aprendizaje que evalúa (N°)	Fecha	Ponderación
Control 1	RA1		20%
Control 2	RA2 y RA3		20%
Control 3	RA4		20%
Participación en clases	CG1 y CG4		10%
Tesina (presentación oral/documento escrito)	Todos los RA		30%

VIII. BIBLIOGRAFÍA BÁSICA U OBLIGATORIA

N°	Título	Autores	Año	Fuente
1	Challenging the dogma: the hidden layer of non-protein-coding RNAs in complex organisms	Mattick JS	2003	BioEssays 25:930-939
2	Central dogma of molecular biology	Crick F	1970	Nature 227:561-563
3	Fidelity of DNA replication—a matter of proofreading	Bębenek A, Ziuzia-Graczyk I	2018	Current Genetics 64:985–996

4	Multiple forms of DNA-dependent RNA polymerase in eukaryotic organisms	Roeder RG, Futter WJ	1969	Nature 224:234-237
6	Structural basis of transcription initiation by RNA polymerase II	Sainsbury S, Bernecky C, Cramer P	2015	Nat Rev Mol Cell Biol 16:129-43
7	The Mediator complex: a central integrator of transcription	Allen BL, Taatjes DJ	2015	Nat Rev Mol Cell Biol 16:155-166
8	Regulation of RNA polymerase II transcription by sequence-specific DNA binding factors.	Kadonaga JT	2004	Cell 116:247-257
10	Chromatin remodelling and histone modification in transcription regulation	Urnov FD, Wolffe AP	2002	Encyclopedia of Life Sciences, John Wiley & Sons,
11	Transcriptional enhancers: from properties to genome-wide predictions	Shlyueva D, Stampfel G, Stark A	2014	Nat Rev Genet 15:272-286
12	Unraveling <i>cis</i> and <i>trans</i> regulatory evolution during cotton domestication.	Bao Y, Hu G, Grover CE, et al.	2019	Nat Commun 10:5399
13	The evolution of gene expression in <i>cis</i> and <i>trans</i>	Signor, Sarah A, and Sergey V Nuzhdin	2018	Trends in genetics 34:532-544
14	Gains and losses of cis-regulatory elements led to divergence of the <i>Arabidopsis</i> APETALA1 and CAULIFLOWER duplicate genes in the time, space, and level of expression and regulation of one paralog by the other	Ye L, Wang B, Zhang W, Shan H, Kong H	2016	Plant Physiol 171:1055-1069
15	Spontaneous mutations in maize pollen are frequent in some lines and arise mainly from retrotranspositions and deletions	Dooner HK, Wang Q, Huang JT, Li Y, He L, Xiong W, Du C	2019	Proc Natl Acad Sci U S A 116:10734-10743

16	The high-quality draft genome of peach (<i>Prunus persica</i>) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution	International Peach Genome Initiative et al	2013	Nat Genet 45:487-494
17	Origin and evolution of the octoploid strawberry genome	Edger PP, Poorten TJ, VanBuren R, Hardigan MA, et al	2019	Nat Genet 51:541-547
18	Assembly algorithms for next-generation sequencing data	Miller JR, Koren S, Sutton G	2010	Genomics 95:315-327
19	Structure and co-occurrence patterns in microbial communities under acute environmental stress reveal ecological factors fostering resilience.	Mandakovic D, Rojas C, Maldonado J, Latorre M et al	2018	Sci Rep 8:5875
	Fine mapping and identification of a candidate gene for a major locus controlling maturity date in peach	Pirona R, Eduardo I, Pacheco I, Da Silva Linge C et al	2013	BMC Plant Bio 13:166
20	Epistasis and quantitative traits: using model organisms to study gene–gene interactions	MacKay T	2014	Nat Rev Genet 15:22–33
21	The real objective of Mendel's Paper	Monaghan FV, Corcos AF	1990	Biology and Philosophy 5:267–292
22	Genetic Mapping in Human Disease	Altshuler D, Daly MJ, Lander ES	2008	Science 322:881-888
23	Seven common mistakes in population genetics and how to avoid them	Meirmans PG	2015	Mol Ecol 24:3223-3231
24	Genetics and the conservation of natural populations: allozymes to genomes	Allendorf FW	2017	Mol Ecol 26:420-430
25	Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity	Lenstra JA, Groeneveld LF, Eding H, Kantanen J et al	2012	Anim Genet 43:483-502



26	The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future	Wiggans GR, Vanraden PM, Cooper TA	2011	J Dairy Sci 94:3202–3211
27	Finding the missing heritability of complex diseases	Manolio TA, Collins FS, Cox NJ, Goldstein DB et al	2009	Nature 461:747-753
28	Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps	Meuwissen TH, Hayes BJ, Goddard ME	2001	Genetics 157:1819-1829.
29	Common SNPs explain a large proportion of the heritability for human height	Yang J, Benyamin B, McEvoy BP, Gordon S et al	2010	Nat Genet 42:565-569
30	5Gs for crop genetic improvement	Varshney RK, Sinha P, Singh VK, Kumar A, Zhang Q, Bennetzen JL	2020	Curr Opin Plant Biol, doi: 10.1016/j.pbi.2019.12.004
31	Translating high-throughput phenotyping into genetic gain	Araus JL, Kefauver SC, Zaman-Allah M, Olsen MS, Cairns JE	2018	Trends Plant Sci 23:451-466
32	Genetic strategies for improving crop yields	Bailey-Serres J, Parker JE, Ainsworth EA, Oldroyd GED, Schroeder JI		Nature 575:109-118

IX. BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA O COMPLEMENTARIA

N°	Título	Autores	Año	Fuente
1				
2				
3				

X. PROGRAMACIÓN							
Eje de conocimiento 1		Bases moleculares de la herencia					
Resultado de aprendizaje 1		Examinar los procesos moleculares fundamentales que participan en la transmisión de la información genética, en modelos de estudio eucariotas para identificar y proponer soluciones científicas a problemas relacionados con la investigación en genética.					
Descripción de la(s) evaluación(es)		Una primera evaluación de este eje corresponde a un control asincrónico, en que debe resolver problema acorde a la temática abordada. La segunda evaluación corresponde a un informe de avance de una tesina que debe presentar al final del curso.					
Fecha	Horario	Tema	Metodología	Bibliografía (N°)	Docente	Hora directa	Hora ind.
17/08	9:00	Introducción y Programa	Clase expositiva		Verónica Cambiazo	30 min	0
	9:30-13:00	Replicación del ADN y variabilidad genética. Dogma central de la biología molecular	Clase expositiva		Mauricio González	3	6
24/08	9:00-13:00	Mecanismos moleculares de la transcripción en eucariotas. Estructura de la cromatina	Clase expositiva		Verónica Cambiazo	4	8
31/08	9:00-10:45	Mecanismos de regulación epigenética	Clase expositiva		Verónica Cambiazo	1.45	3
	11:15-13:00	Regulación de la expresión génica: elementos <i>cis</i> y <i>trans</i> .	Clase expositiva		Christian Hodar	1.45	3
07/09	9:00-10:45	Secuenciación de genomas y genómica funcional	Clase expositiva		Herman Silva	1.45	3
	11:15-13:00	Metagenómica y análisis de redes	Clase expositiva		Mauricio González	1.45	3
		Control 1	Evaluación Asincrónica			-	-
		Avance 1 tesina	Informe			-	-

Eje de conocimiento 2		Genética mendeliana, de poblaciones y cuantitativa					
Resultado de aprendizaje 2		Aplicar las leyes de la genética en el estudio y mapeo de variantes fenotípicas en progenies, para describir la variación genética en poblaciones naturales.					
Resultado de aprendizaje 3		Aplicar estrategias de análisis genético cuantitativo, para resolver problemas prácticos de mejoramiento genético.					
Descripción de las evaluaciones		Una primera evaluación de este eje corresponde a un control asincrónico, en que debe resolver un problema acorde a la temática abordada. La segunda evaluación corresponde a un informe de avance de una tesina que debe presentar al final del curso.					
Fecha	Horario	Tema	Metodología	Bibliografía (N°)	Docente	Hora directa	Hora ind.
21/09	9:00-13:00	Genética 1. Mendel y bases de la genética	Clase expositiva		Igor Pacheco	4	8
28/09	9:00-13:00	Genética 2. Mapeo genético y sus bases biológicas	Clase expositiva		Igor Pacheco	4	8
05/10	9:00-13:00	Genética de poblaciones 1. Variación y distribución de frecuencias alélicas, equilibrio de Hardy Weinberg	Clase expositiva		Cristian Araneda	4	8
26/10	9:00-13:00	Genética de poblaciones 2. Síntesis evolutiva, selección natural, deriva y flujo genético, mutación y recombinación	Clase expositiva		Cristian Araneda	4	8
02/11	9:00-13:00	Principios de mapeo de QTL, análisis de asociación y predicción de valores genéticos mediante información de genómica.	Clase expositiva		Víctor Martínez	4	8
		Control 2	Evaluación Asincrónica			-	-
		Avance 2 tesina	Informe			-	-

Eje de conocimiento 3		Aplicaciones de la genética en las ciencias agropecuarias y veterinarias					
Resultado de aprendizaje 3		Examinar las principales aplicaciones del mejoramiento genético, en distintos organismos centrales, para resolver situaciones asociadas a la producción agropecuaria .					
Descripción de las evaluaciones		Una primera evaluación de este eje corresponde a un control asincrónico, en que debe resolver un problema acorde a la temática abordada. La segunda evaluación corresponde a un informe de avance de una tesina que debe presentar al final del curso.					
Fecha	Horario	Tema	Metodología	Bibliografía (N°)	Docente	Hora directa	Hora ind.
09/11	9:00-13:00	Conservación del germoplasma vegetal, métodos de mejoramiento para especies de propagación sexual y asexual	Clase expositiva		Rodrigo Infante	4	8
16/11	9:00-13:00	Marcadores moleculares, herramientas moleculares y nuevas tecnologías para su uso en programas de mejoramiento genético asistido	Clase expositiva		Lee Meisel	4	8
30/11	9:00-13:00	Métodos de mejoramiento genético de especies ganaderas y acuícolas	Clase expositiva		Roberto Neira	4	8
		Control 3	Evaluación Asincrónica			-	-
		Presentación de tesina /primera fase	Exposición oral y trabajo escrito			-	-
		Presentación de tesina/segunda fase	Exposición oral y trabajo escrito			-	-