

Programa: Modelos estadísticos avanzados para estudios de interacción genotipo-ambiente y predicción genómica en el mejoramiento genético vegetal

Horas del Curso: 50 (cincuenta)

Créditos: 2, 5 (dos y medio)

Objetivo General

- Ofrecer a los participantes un espacio para la discusión y generación de conocimientos que les permitan aplicar herramientas para la modelación de la interacción genotipo ambiente y la predicción genómica aplicada al mejoramiento genético vegetal.

Objetivos Específicos

- Reconocer problemas clásicos de análisis de interacción genotipo-ambiente bajo el marco teórico del modelo lineal general, del modelo lineal mixto, del modelo lineal generalizado mixto, de modelos bayesianos y de la incorporación de algoritmos de aprendizaje automático.
- Vincular la estructura de los datos con los distintos términos de los modelos lineales.
- Interpretar el significado de las estimaciones y pruebas de hipótesis asociadas.
- Comunicar resultados científicos con la terminología estadística apropiada.
- Utilizar el software estadístico R para modelación estadística.
- Desarrollar destrezas en la formulación y aplicación de modelos y métodos estadísticos mediante el análisis colaborativo de casos problemáticos y la exposición dialogada sobre diferentes aproximaciones estadísticas e interpretaciones de cada análisis.

Contenidos (Programa Analítico)

Introducción al concepto de interacción y a modelos de Análisis

Introducción. ¿Qué es la interacción? Diferentes tipos de interacción. Modelo lineal y no lineal y la expresión de interacciones entre factores. Métodos multivariados para el análisis de la interacción. PCA, MDS, Cluster, Procrustes, GFA.

Predicción Genómica

Bases genéticas y estadísticas de la selección genómica. Manejo y análisis de datos genómicos. Implementación de selección genómica en mejoramiento vegetal a través de modelos lineales generalizados mixtos usando lme4GS en R.

Modelos Bayesianos. Modelos multivariados. Modelos multiambientales. Aplicación de BGLR

Evaluación de modelos predictivos. Validación cruzada. Medidas de validación de modelos.

Aplicación de algoritmos de aprendizaje automático en la selección genómica

Material Didáctico Requerido:

Software Estadístico R Core Team (2024). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Bibliografía

Ahmadi, N. y J. Bartholomé (ed). 2022. Genomic prediction of complex traits. Methods and protocols. Springer Protocols. Humana Press.

Pérez Rodríguez, P; G. de los Campos. 2014. Genome –wide regression and prediction with the BGLR statistical package. *Genetics*; 198(2):483-495.

R-Project. Package BGLR – CRAN



Universidad Nacional de Córdoba
2025

**Hoja Adicional de Firmas
Informe Gráfico**

Número:

Referencia: Programa curso modelos estadísticos predictivos

El documento fue importado por el sistema GEDO con un total de 2 pagina/s.