



Первая Международная Школа-конференция ВИР
по количественной генетике

«Использование данных полногеномного секвенирования в селекции растений»:

Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) и Геномная селекция (GS) для выявления генов ценных признаков в коллекциях генетических ресурсов»

Июль 2018, ВИР, Санкт-Петербург

Программа

Регистрация: Воскресенье 22 июля, 09:00-09:30 в Розовом зале					
Время/День	9:30-11:00	11:00-11:30	11:30-13:00	13:00-14:00	14:00-18:00
Воскресенье, 22 июля Помпейский зал	Лекция д.б.н. Д.А.Афонникова (ИЦиГ РАН, Новосибирск) <i>Комплексное исследование опушения листа пшеницы: от компьютерной феномики к моделированию роста тканей листа</i>	Кофе брейк	Лекция к.б.н. В.Б.Брюхина (Центр геномной Биоинформатики СПбГУ, Санкт-Петербург) <i>Геномные исследования апомиксиса и его молекулярно-генетическая регуляция</i>	Обед	14:00-15:30 Презентация ООО «Альбиоген»: Назар Самаров и Ирина Макаренко "Шуміпа: геномные технологии в сельском хозяйстве" 15:30 -16:00 Кофе-брейк 16:00-17:00 Ознакомительная экскурсия по ВИР 18:00-21:00 Приветственный ужин на теплоходе (причал, наб. реки Фонтанки, д. 105)

Время/День	8:30-11:00	11:00-11:30	11:30-13:00	13:00-14:00	14:00-17:30
<p>Понедельник, 23 июля</p> <p>Розовый зал</p>	<p>Введение: «Генетика количественной устойчивости к вертициллезному увяданию <i>Verticillium wilt</i> однолетней люцерны <i>M. truncatula</i>» как магистральная линия курса.</p> <p>-<i>Теория:</i> Схема рандомизированных блоков (RCBD, Randomized Complete Block Design) и модели факторного эксперимента (LMM, Linear Mixed Models) на языке программирования R.</p> <p>- <i>‘Как это сделать?’</i> , <i>практические занятия с сопровождением:</i> Начало работы в R: Общие сведения о языке программирования R: интерфейс, импорт данных, базовые команды, графики.</p> <p><i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере #1:</i> RCBD применительно к генетическому анализу количественных признаков (гетерозис, плоидность).</p>	<p>Кофе брейк</p>	<p>Лучший способ представления объемных фенотипических данных в табличном виде: полезные схемы организации полевых экспериментов для целей GWAS и биостатистики с использованием R</p> <p>-<i>Теория:</i> Организация расширенного эксперимента (Augmented Block Designs); Возможности и ограничения статистических моделей.</p> <p>- <i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере #2:</i> Организация расширенного эксперимента (Augmented-block design) для анализа фенотипических данных больших коллекций генетических ресурсов.</p> <p>- <i>Презентации электронных постеров</i></p>	<p>Обед</p>	<p>- <i>‘Как это сделать?’</i> , <i>практические занятия с сопровождением:</i> R для начинающих: Как организовать данные в формате вводного файла? Как проанализировать качество вводимых данных? Как проиллюстрировать исходные данные в виде информативных графиков, используя R?</p> <p>15:30 -16:00 Кофе-брейк</p> <p>- <i>‘Сможете сами!’</i> , <i>практические занятия по составлению и использованию скриптов для проведения анализа на конкретных примерах:</i></p> <p>* <i>Конкретный пример #3:</i> RCBD в исследованиях по количественной генетике растений.</p> <p>* <i>Конкретный пример #4:</i> Грамотный дизайн эксперимента (Augmented-block design) для проведения GWAS.</p> <p>- <i>Презентации электронных постеров</i></p>

Время/День	8:30-11:00	11:00-11:30	11:30-13:00	13:00-14:00	14:00-17:30
Вторник, 24 июля Розовый зал	Обработка больших массивов данных генотипирования (SNP): наиболее эффективные биоинформатические приемы (без вычислительной практики)	Кофе брейк	Анализ генетической структуры популяции - Теория и конкретные примеры: Основные концепции методов анализа популяционной структуры на основе данных SNPs или SSRs. - Презентации электронных постеров	Обед	Анализ генетической структуры популяций, связь между генетическими кластерами и происхождением образцов. - практические занятия с сопровождением на конкретном примере: Анализ генетической структуры популяции на модельном бобовом (<i>Medicago truncatula</i>). 15:30 -16:00 Кофе-брейк - Презентации электронных постеров
Среда, 25 июля Розовый зал	Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) - Теория: Неравновесное сцепление генов (LD), Обобщенные линейные модели (GLM)	Кофе брейк	- практические занятия с сопровождением на конкретном примере: Полногеномный поиск ассоциаций для хозяйственно-ценных признаков бобовых с использованием GLM и анализа LD. - Презентации электронных постеров	Обед	Секция по проведению количественной ПЦР (Хеликон) 15:30 -16:00 Кофе-брейк
Четверг, 26 июля	Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) продолжение	Кофе брейк	Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) продолжение	Обед	Геномная селекция (GS) - Теория: Принципы геномной

Розовый зал	<p>- <i>Теория:</i> Смешанные линейные модели (MLM), учитывающие популяционную структуру и родство (kinship).</p>	<p>- <i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере:</i> Полногеномный поиск ассоциаций для хозяйственно-ценных признаков бобовых с помощью MLM и расчёта степени родства</p> <p>- <i>Презентации электронных постеров</i></p>	<p>селекции, расчет селекционной ценности и наследуемости.</p> <p>15:30 -16:00 Кофе-брейк</p> <p>- <i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере:</i> Расчёт лучших линейных несмещенных оценок (BLUEs), лучших несмещенных оценок прогнозирования (BLUPs), сравнение родословных и матриц генетического сходства.</p> <p>- <i>Презентации электронных постеров</i></p>		
Время/День	8:30-10:30	10:30-11:00	11:00-12:30	12:30-14:00	14:00-17:30
Пятница, 27 июля Розовый зал	<p>Геномная селекция (GS)</p> <p>- <i>Теория:</i> Одноступенчатая модель с использованием G-BLUP and RR-BLUP моделей.</p> <p>- <i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере:</i> Прогноз селекционной ценности на основе анализа геномных данных</p>	<p>Геномная селекция (GS)</p> <p>- <i>Теория и конкретные примеры:</i> Одноступенчатые и двухступенчатые модели. Перекрёстная проверка, точность. Факторы, влияющие на геномную селекцию. (оптимизация тренировочных популяций)</p> <p>- <i>практические занятия с сопровождением на конкретном примере:</i> Вычисление точности геномного прогнозирования агробιοлогических качеств of сельскохозяйственных культур с использованием различных GS моделей.</p>	<p>ГWAS и GS для растений</p> <p>- <i>'Сможете сами!' практические занятия по самостоятельному проведению полногеномного анализа ассоциаций и геномной селекции на конкретном примере.</i></p> <p>15:30 -16:00 Кофе-брейк</p> <p>Использование полногеномных данных в селекции: перспективы, возможности и ограничения.</p> <p>GWAS и/или GS, маркер-вспомогательная селекция, функциональная валидация генов-кандидатов.</p> <p>Вопросы и открытая дискуссия.</p>		

- Презентации электронных
постеров

Вручение сертификатов