



XIV Congreso Latinoamericano de Sociedades
de Estadística “Laura Nalbarte”

Libro de Resúmenes

Organiza Sociedad Uruguaya de Estadística.



Sociedades que integran el Comité Científico



Apoyan



UNIVERSIDAD
DE LA REPÚBLICA
URUGUAY

Introducción

Durante los días 18 al 21 de octubre de 2021 se desarrolló de manera virtual con sede en Montevideo-Uruguay el XIV Congreso Latinoamericano de Sociedades de Estadística (CLATSE) denominado "Laura Nalbarte.^{en} homenaje a nuestra querida compañera quien falleció trágicamente el 14 de agosto de 2021, siendo, entonces, presidenta de la Sociedad Uruguaya de Estadística (SUE).

¿Qué es el CLATSE? ¹

A fines de la década de los 80 el directorio de la Sociedad Argentina de Estadística (SAE), fundada en 1952, y el de la Sociedad Chilena de Estadística (SOCHE) fundada en 1977, deciden potenciar sus congresos nacionales mediante la organización conjunta de congresos internacionales abarcando a las sociedades hermanas de América Latina dando lugar al CLATSE: eventos programados para celebrarse cada dos o tres años, alternando el país anfitrión. Es así que en 1991 se celebró el I CLATSE organizado por la Universidad Técnica Federico Santa María en Valparaíso, Chile. El II CLATSE fue organizado en 1993 por la Universidad Católica Argentina en Buenos Aires, Argentina. Siguiendo de manera itinerante entre estos dos países hasta que en 2008 la SUE organiza, junto con la Universidad de la República el VIII CLATSE en Montevideo, Uruguay. Continuando con el espíritu integrador y de difusión, en 2016 se incorpora Perú en la organización del XII CLATSE y en el 2018 México organiza el XIII CLATSE. En 2021 Uruguay vuelve a ser sede teniendo cómo desafío la organización del primer CLATSE virtual.

Organización

Cada año que se celebra el CLATSE, la Sociedad de Estadística del país anfitrión es la sociedad organizadora. Así, este año, el Comité Organizador estuvo a cargo de Laura Nalbarte (presidenta de la SUE hasta su fallecimiento el 14 de agosto de 2021), Ignacio Álvarez-Castro, Ana Coimbra, Leticia Debera, Miguel Galmés, Juan José Goyeneche y Eugenia Riaño, todos integrantes de la Comisión Directiva de la SUE. El Comité Científico estuvo conformado por integrantes de Sociedades de Estadística que conforman el CLATSE: por la AME (Asociación Mexicana de Estadística) Carlos Rodríguez y Silvia Rodríguez, por la SAE participaron Gabriela Boggio y Martín Saino; por la SOCHE Yolanda Gómez y finalmente por la SUE Natalia da Silva y Marco Scavino. Además de la integración del Comité Científico las Sociedades de Estadística del CLATSE participaron activamente en cuestiones organizativas a solicitud de la SUE.

Desarrollo

Más de 400 personas de 17 países del mundo participaron en la XIV edición del CLATSE, destacándose la participación de Argentina, Uruguay, México y Chile.

El Congreso contó con 5 actividades académicas: Cursos, Conferencias, Sesiones Invitadas, Sesiones de Ponencias y el "Premio Jorge Blanco".

Se dictaron 6 cursos: *Simulación de procesos demográficos en R* a cargo de Daniel Ciganda; *Geografía computacional con R* con Orlando Sabogal y Eugenia Riaño como docentes responsables; *Visualización de datos con R* a cargo de Natalia da Silva; *Introducción al análisis de sobrevivencia usando el software R* dictado por Diego Gallardo; *Aplicación de la estadística a la industria y Seis Sigma* a cargo de Humberto Gutiérrez Pulido y *Datos faltantes en control multivariado de procesos sobre componentes principales* que dictaron Marta Quaglino y Julia Fernandez.

Contamos con la presencia de 5 conferencistas de renombre. Abrió el congreso la PhD. Alicia Carriquiry cuya conferencia se tituló *Comparación de imágenes en aplicaciones forenses*; el Dr. Joachim Engel presentó *Enseñanza de las estadísticas para el empoderamiento y el compromiso social*, el Dr. Rogelio Salinas Gutiérrez presentó *Funciones de cópula y su aplicación en clasificación probabilística supervisada*; el Dr. Marcelo Ruiz *Selección de covarianza robusta para modelos gráficos Gaussianos en alta dimensión*; cerró el congreso el Dr. Mauricio Castro con su conferencia titulada *Análisis Bayesiano de datos de sobrevivencia con indicadores de censura faltantes*.

Con respecto a las Sesiones Invitadas, se formaron 6 mesas temáticas. Daniel Sánchez, Juana Sánchez y Hugo Hernández debatieron sobre *Los cambios de paradigmas de la presencialidad y la virtualidad en la*

¹Extraído de sue.org.uy

Comparación de diferentes modelos de GWAS para una base de datos de porotos (*Phaseolus vulgaris L.*).

BORTOLOTTO E. B.¹ ANGELINI J., FAVIERE G. S., BRUNO C., CERVIGNI G.

Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI), Universidad Nacional de Rosario - CONICET, Suipacha 531, 2000 Rosario, Argentina.

El objetivo de este trabajo fue evaluar modelos estadísticos en cuanto a su desempeño para estimar asociaciones del todo el genoma (GWAS) entre el fenotipo y genotipo. El fenotipo fue medido sobre la floración medida como día hasta la primera floración (DFP); días de floración (DTF) y días hasta la última floración (DEF). Se trabajó con un conjunto de datos compuesto por 80 cultivares de porotos genotipados con 380 marcadores moleculares del tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*). Los valores fenotípicos fueron previamente ajustados por un modelo lineal mixto considerando el efecto del ambiente como fijo y al efecto del cultivar e interacción de ambos como aleatorios siguiendo Nascimmento et al. (2018). Previo al análisis GWAS se realizó un análisis de diversidad de los SNP, a través de métodos multivariados como Análisis de Componentes Principales y Análisis de Conglomerado (UPGMA y Bayesiano) y se buscó la matriz de estructura poblacional Q. Según el análisis UPGMA se pudo armar 7 grupos de marcadores, y según ACP esta cantidad de componentes explican el 82% de la variabilidad total de los marcadores. Los modelos comparados fueron: ANOVA: Modelo Lineal General, Modelos Lineal General con componentes principales (GLM-P), Modelos Lineal Mixto con PCA y matriz Kinship (MLM-PK), MLM comprimido (CMLM), CMLM enriquecido (ECMLM), unificación de probabilidad circulante de modelo fijo y aleatorio (FarmCPU) y Regresión por Cuantiles (QR).

Los modelos comparados fueron evaluados a través de gráficos de cuantiles (Q-Q) del logaritmo de los valores p observados en función de los esperados. Si los valores p obtenidos del modelo ajustado se ubican por encima de la línea recta a 45° indica la presencia de falsos positivos, es decir marcadores moleculares cuyo valor indica que existe una asociación estadísticamente significativa entre el genotipo y el fenotipo, pero que bajo hipótesis nula no lo son. Por el contrario si los valores p de los modelos se ubican por debajo de la línea recta, indican falsos negativos, es decir, marcadores SNP que están asociados al fenotipo pero su valor p no fue estadísticamente significativo. Si los valores p obtenidos se encuentran sobre la recta entonces indican que existen asociaciones verdaderas y polimorfismos causales. Para la corrección por multiplicidad se utilizaron dos métodos: Bonferroni y tasa de falsos descubrimientos (FDR).

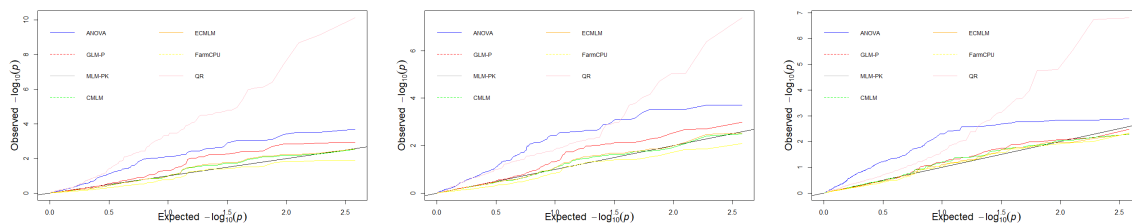


Figura 1. Gráfico de cuantiles (Q-Q) de los 7 modelos GWAS ajustados para 80 cultivares de porotos genotipados con 380 marcadores tipo SNPs, fenotipados para Días desde la primera Floración (DFP-izquierda), Días desde floración (DTF-centro) y días hasta última floración (DEF-derecha).

Basados en los gráficos Q-Q plot los modelos FarmCPU y CMLM fueron los que mejor comportamiento tuvieron respecto a los otros dado que sus curvas se ubican cercanos al a recta 1:1. En este sentido, el modelo que mayor tasa de falsos positivos presentó fue QR.

Palabras Clave: Modelos de Asociación, fenotipo, genotipo, marcadores SNP

¹e-mail: bortolotto@cefobi-conicet.gov.ar