



CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática I

Nombre Curso

SEMESTRE

2

AÑO

2012

PROF. ENCARGADO

Alejandro Eduardo Maass Sepúlveda

9.582.433-1

Nombre Completo

RUT

*Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, U-Chile
y
Centro de Modelamiento Matemático, Departamento de Ingeniería Matemática,
Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, U-Chile*

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO

56 (2) 978-4456

E-MAIL

amaass@dimuchile.cl

TIPO DE CURSO

Avanzado

(Básico, Avanzado, Complementario, Seminarios Bibliográficos, Formación General)

CLASES	25 HRS.
SEMINARIOS	
PRUEBAS	2 HRS.
TRABAJOS	15 HRS. (TRABAJOS PRÁCTICOS)

Nº HORAS PRESENCIALES	42
Nº HORAS NO PRESENCIALES	78
Nº HORAS TOTALES	120

CRÉDITOS

4

(1 Crédito Equivale a 30 Horas Semestrales)

CUPO ALUMNOS

4

(Nº mínimo)

25

(Nº máximo)

PRE-REQUISITOS

Bioinformática I

INICIO

Ver Calendario de Actividades

TERMINO

Ver Calendario de Actividades

DIA/HORARIO
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

DIA / HORARIO
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

LUGAR

Ver Calendario de Actividades

Escuela De Postgrado (Sala a determinar) u otro lugar

METODOLOGÍA

Las **clases teóricas** serán de carácter expositivo. Se complementarán con diapositivas, videos y otros materiales de apoyo que cada docente (indicados en el calendario de actividades) estime pertinente.

Se realizarán **pasos prácticos** donde los estudiantes podrán aprender técnicas que les permitan aplicar conceptos aprendidos en clases y así reforzar esos conocimientos mediante la práctica. Todas las actividades prácticas se realizarán en computadores disponibles para el curso.

(Clases, Seminarios, Prácticos)

EVALUACIÓN (INDICAR % DE CADA EVALUACIÓN)

Ejercicios Prácticos (ej.: 70%)

Examen Final (ej.: 30%)

PROFESORES PARTICIPANTES (INDICAR UNIDADES ACADEMICAS)**Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas (FCFM)**

Centro de Modelamiento Matemático (CMM)

Centro para la Regulación del Genoma (CRG)

Departamento de Ingeniería Matemática (DIM)

Alejandro Maass – CMM, CRG & DIM, FCFM

Rodrigo Assar (RA) – CRG, FCFM

Nicolas Loira (NL) – CRG, FCFM

Alex Di Génova (AdG) – CMM & CRG, FCFM

Dante Travisany (DT) – CMM & CRG, FCFM

María Paz Cortés (MPC) – CMM & CRG, FCFM

Marko Budinich (MB) – CMM & CRG, FCFM

DESCRIPCIÓN / OBJETIVOS

Bioinformática I es un curso avanzado enfocado al manejo de métodos de análisis informáticos, matemáticos y estadísticos de datos biológicos provenientes de la genómica, la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica. Para esto en este curso se verá a nivel teórico y práctico los métodos bioinformáticos clásicos de análisis y procesamiento de datos biológicos de estas ciencias ómicas, comenzando desde las secuencias de ADN, siguiendo por datos de transcriptómica y metabolómica, hasta la construcción y análisis de las redes asociadas a sistemas biológicos.

CALENDARIO DE ACTIVIDADES

(A continuación señalar : Descripción de la actividad, fechas, horas presenciales y no presenciales y Profesores a cargo)

Ubicación de clases: ejemplo:

DIM: Departamento de Ingeniería Matemática, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas. Blanco Encalada 2120, piso 1.

ESP: Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina. Independencia 939, piso 3 (División de Epidemiología).

FECHA Y UBICACION	HORAS PRESENCIALES	HORAS NO PRESENCIALES	DESCRIPCION ACTIVIDAD	PROFESOR
1 Fecha, Hora Ubicacion.	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la Bioinformática 1: ○ Distintos datos ómicos, ○ Bases de datos, ○ problemas, herramientas. 	NL
2	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la Bioinformática 2: ○ Elementos de Unix; Perl y BioPerl. 	NL
3	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación & Ensamble 1: ○ Técnicas de secuenciación y tipos de problemas; ○ Formatos y datos; ○ Métricas; ○ Teoría de ensamble (alineamientos y 	AdG-DT
4	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación & Ensamble 2: ○ Teoría de ensamble (grafos de De Bujin y comparativos); ○ Principales algoritmos y softwares (Celera, AllPaths, Soap, Velvet, etc). 	AdG-DT
5	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación & Ensamble 3: ○ Clase práctica ensamble. 	AdG-DT
6	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Anotación de Genomas 1: ○ BLAST, modelos de genes; ○ Algoritmos comparativos y estadísticos de marcación. ○ Clase práctica. 	AdG-DT
7	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Anotación de Genomas 2: ○ Anotación de intrones y exones, ○ Factores de transcripción y binding sites (matrices PSW), proteínas, dominios, SNPs, pathwaytools, etc. ○ Visualización con Gbrowse. 	AdG-DT
8	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Transcriptómica 1: ○ Bases biológicas, técnicas, tipos de datos, ○ Análisis estadístico y paquetes de R asociados. 	RA

9	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Transcriptómica 2: ○ Uso de micorarrays y su análisis estadístico usando R; ○ Ejercicio práctico con diversos datos médicos y tareas. 	RA
10	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Transcriptómica 3: ○ Uso de mRNAseq y su análisis estadístico y visual ○ Ejercicio práctico con datos reales y tareas. 	AdG-DT
11	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Metabolismo 1: ○ Reconstrucción modelos metabólicos 	NL
12	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Metabolismo 2: ○ Flux Balance Analysis • Metabolómica 3: ○ Nociones experimentales básicas, problemas y métodos enfocados y abiertos. ○ Paralelo en proteómica. 	NL, MB y MPC
13	2	5	Examen	