



## CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática II

Nombre Curso

SEMESTRE

2

AÑO

2012

PROF. ENCARGADO

Ricardo Alejandro Verdugo Salgado

13.199.074-K

Nombre Completo

RUT

- Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, U-Chile
- Institute of Medical Biometry and Informatics and Department of Psychopharmacology, University of Heidelberg, Germany

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO

56 (2) 978-6456

E-MAIL

raverdugo@u.uchile.cl

TIPO DE CURSO

Avanzado

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

CLASES	20 HRS.
SEMINARIOS	03:20
PRUEBAS	2 HRS.
TRABAJOS	06:40 HRS. (TRABAJOS PRÁCTICOS)

Nº HORAS PRESENCIALES	32
Nº HORAS NO PRESENCIALES	58
Nº HORAS TOTALES	90

CRÉDITOS

3

(1 Crédito Equivale a 30 Horas Semestrales)

CUPO ALUMNOS

4

(Nº mínimo)

25

(Nº máximo)

PRE-REQUISITOS

Bioinformática I

INICIO

TERMINO

DIA/HORARIO  
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

DIA / HORARIO  
POR SESION

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. Las clases se realizarán en la Sala de Seminarios Danko Brncic, PGH, Block C, FMed

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. Los prácticos se realizarán en el SCIAN-Lab, Programa de Anatomía y Biología del Desarrollo, Piso 2, FMed, U-Chile.

(Clases, Seminarios, Prácticos)

## EVALUACIÓN (INDICAR % DE CADA EVALUACIÓN)

Ejercicios Prácticos y Seminarios 70%

Examen Final 30%

## PROFESORES PARTICIPANTES (INDICAR UNIDADES ACADEMICAS)

### **Universidad de Chile**

Facultad de Medicina (FMed), Independencia 1027, Santiago  
Programa de Genética Humana (PGH)  
Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM)

Coordinador: Dr. Ricardo Verdugo – PGH, ICBM, Fmed, raverdugo@u.uchile.cl

### **University of Heidelberg, Germany**

Institute of Medical Biometry and Informatics (IMBI)  
Statistical Genetics Group (SGG)  
ZI-Mannheim (ZIM)  
Central Institute of Mental Health (CIMH)  
Department of Psychopharmacology (DPsy)

Dr. Justo Lorenzo Bermejo – SGG, IMBI, lorenzo@imbi.uni-heidelberg.de

Dr. Peter J. Gebicke-Härter – DPsy, CIMH, ZIM, peter.gebicke@zi-mannheim.de

## DESCRIPCIÓN / OBJETIVOS

Bioinformática II es un curso avanzado de sobre aplicaciones bioinformáticas en el campo de la biomedicina. El curso cubre dos grandes temas: Disección Genética de Caracteres con Microarrays y Genética estadística.

Los microarrays son una tecnología que permite medir la expresión de miles de genes simultáneamente en una muestra. Aquí revisaremos el uso de datos de microarrays para analizar y disectar un carácter complejo.

La Genética Estadística utiliza modelos matemáticos para inferir asociaciones entre regiones genómicas y caracteres fenotípicos, ya sea en poblaciones naturales o en cruces experimentales. Revisaremos la teoría que sustenta esta aproximación y las aplicaciones prácticas en la disección y predicción de fenotipos.

## 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 Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Estudio de caracteres complejos mediante microarrays de expresión</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Esquizofrenia, un trastorno mental crónico</li> <li>○ Esquizofrenia, análisis molecular mediante microarrays</li> </ul> </li> </ul>	P. Gebicke
2 Fecha, Hora Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Reconocimiento de patrones (GSEA), hipótesis de trabajo</li> <li>○ Análisis de datos libre de hipótesis, PCA</li> </ul>	P. Gebicke
3 Fecha, Hora Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ <i>Hierarchical clustering of genes</i>, redes de regulación génica</li> <li>○ Análisis de series temporales, oscilaciones, datos dinámicos</li> </ul>	P. Gebicke
4 Fecha, Hora Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Conferencia Epigenética.</li> <li>○ Seminario: Discusión de métodos y bibliografía</li> </ul>	P. Gebicke
5 5/11, 18:00-21:30 Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Genética Estadística</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Definición de genotipo y SNP</li> <li>○ Asociación alélica</li> </ul> </li> </ul>	J. Lorenzo
6 6/11, 18:00-21:30 Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Equilibrio de recombinación, factores influyentes y su estimación</li> <li>○ Estima de haplotipos y de haplogenotipos</li> <li>○ Análisis y relevancia del equilibrio de Hardy-Weinberg</li> <li>○ Análisis estadístico de estudios genéticos con un diseño caso-control</li> <li>○ Predicción del tamaño muestral</li> </ul>	J. Lorenzo
7 7/11, 18:00-21:00 Sala SCIAN-Lab	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ El problema de la multiplicidad en estudios genéticos</li> <li>○ Ejercicio práctico de variantes genéticas usando R</li> </ul>	J. Lorenzo
8 Fecha, Hora Sala Seminarios, PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mapeo de QTL en ratones</li> <li>○ Predicción de fenotipos con QTL</li> </ul>	R. Verdugo
9 Fecha, hora SCIAN-Lab	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Ejercicio práctico: Mapeo de QTL y generación de modelos predictivos en R</li> </ul>	R. Verdugo
Fecha, Hora Sala Seminarios, PGH	2	4	Examen	R. Verdugo