



CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática I

Nombre Curso

SEMESTRE

2

AÑO

2013

PROF. ENCARGADO

Alejandro Eduardo Maass Sepúlveda
Ricardo Alejandro Verdugo Salgado

9.582.433-1
13.199.074-K

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
56 (2) 978-9527

E-MAIL

amaass@dimuchile.cl
raverdugo@u.uchile.cl

TIPO DE CURSO

Avanzado

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

CLASES	25 HRS.
SEMINARIOS	
PRUEBAS	6:40 HRS.
TRABAJOS	8:20 HRS. (TRABAJOS PRÁCTICOS)

Nº HORAS PRESENCIALES	40
Nº HORAS NO PRESENCIALES	86
Nº HORAS TOTALES	126

CRÉDITOS

4

(1 Crédito Equivale a 30 Horas Semestrales)

CUPO ALUMNOS

4

(Nº mínimo)

25

(Nº máximo)

PRE-REQUISITOS

Ninguno

INICIO

Ver Calendario de Actividades

TERMINO

Ver Calendario de Actividades

DIA/HORARIO POR SESION

DIA / HORARIO POR SESION

LUGAR

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.*

Al inicio del curso, los estudiantes serán divididos en grupos por afinidad, tratando de balancear distintos experticias y capacidades dentro de grupos. Se les asignará un trabajo científico a desarrollar durante el curso, donde deberán utilizar los conceptos y herramientas aprendidos. Al final del curso, cada grupo entregará un informe final y dará una presentación oral de sus resultados.

(Clases, Seminarios, Prácticos)

EVALUACIÓN (INDICAR % DE CADA EVALUACIÓN)

<i>Informe de trabajo (nota grupal)</i>	<i>70%</i>
<i>Presentación (nota individual)</i>	<i>30%</i>

PROFESORES PARTICIPANTES (INDICAR UNIDADES ACADÉMICAS)

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, amaass@dim.uchile.cl

Alex Di Génova (AdG) – CMM & CRG, FCFM, adigenova@dim.uchile.cl

Dante Travisany (DT) – CMM & CRG, FCFM, dtravisany@gmail.com

María Paz Cortés (MPC) – CMM & CRG, FCFM, mpcortes@dim.uchile.cl

Centro Nacional de Genómica, Proteómica y Bioinformática (OMICS)

Romilio Espejo (RE) – INTA, OMICS, romilio.espejo@omics-solutions.cl

Facultad de Medicina (FMed)

Programa de Genética Humana (PGH)

Programa de Fisiopatología (PFP)

Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM)

Programa de Biología Celular y Molecular (PBCM)

Ricardo Verdugo (RV) – PGH, ICBM, raverdugo@u.uchile.cl

Luisa Herrera (LH) – PGH, ICBM, lherrera@med.uchile.cl

DESCRIPCIÓN / OBJETIVOS

Bioinformática I es un curso introductorio sobre el manejo de métodos de análisis informáticos, matemáticos y estadísticos de datos biológicos provenientes de la genómica y la transcriptómica.

Los objetivos de este curso son:

- 1) Revisar a nivel teórico y práctico los métodos bioinformáticos clásicos de análisis secuencias genómicas*
- 2) Capacitar en control de calidad, procesamiento, y análisis estadístico datos transcriptómicos.*
- 3) Revisar conceptos de diseño experimental y prueba de hipótesis con datos “ómicos”*

CALENDARIO DE ACTIVIDADES

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

Ubicación de clases:

Sala de Seminario del CMM, 7mo Piso

Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas. Blanco Encalada 2120.

FECHA Y UBICACION	HORAS PRESENCIALES	HORAS NO PRESENCIALES	DESCRIPCION ACTIVIDAD	PROFESOR
Modulo 1: Generación y análisis de secuencias genómicas				
1 13/8 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la Genómica <ul style="list-style-type: none"> ○ Genomas: estructura y evolución ○ Proyectos de secuenciación genómica ○ Bases de datos 	LH
2 19/8 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Secuenciación genómica <ul style="list-style-type: none"> ○ Técnicas de secuenciación ○ Aplicación de acuerdo al problema en estudio 	RE
3 20/8 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Ensamblaje de secuencias genómicas <ul style="list-style-type: none"> ○ Flujo de un proyecto de ensamblaje ○ Ensamblaje <i>de novo</i> vs. sobre una referencia ○ Teoría de ensamble: grafos de De Bujin y comparativos ○ Principales algoritmos y software: Celera, AllPaths, Soap, Velvet, etc 	DT
4 22/8 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Práctico de ensamblaje de secuencias <ul style="list-style-type: none"> ○ Formatos de archivos de datos ○ Métricas ○ Descripción del proyecto a realizar ○ Primera inspección de los datos 	DT
5 27/8 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Anotación de Genomas <ul style="list-style-type: none"> ○ BLAST, modelos de genes; ○ Algoritmos comparativos y estadísticos de marcación. ○ Predicción de señales funcionales 	AdG

6 3/9 18:00-21:00	3:20	6	Presentaciones de avance en los trabajos realizados por cada grupo	RV, DT
Módulo 2: Generación y análisis de datos transcriptómicos				
7 5/9 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la transcriptómica <ul style="list-style-type: none"> ○ Conceptos de expresión génica ○ Dogma central de la biología ○ Microarrays de DNA: diseño y uso 	RV
8 10/9 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Procesamiento de datos de microarrays <ul style="list-style-type: none"> ○ Características generales de datos de micorarrays ○ Control de calidad de datos brutos ○ Corrección por ruido base (background), normalización 	MPC, RV
9 24/9 18:00-19:30	1:40	6	<ul style="list-style-type: none"> • Práctico demostrativo de procesamiento de datos de microarrays <ul style="list-style-type: none"> ○ Análisis estadístico usando R ○ Introducción a Bioconductor ○ Ejercicio práctico con datos médicos y tareas 	MPC
10 24/9 19:30-21:00	1:40	6	<ul style="list-style-type: none"> • Estudios de expresión diferencial <ul style="list-style-type: none"> ○ Diseño experimental ○ Ajuste de molelos lineales ○ Control de tasa de falsos positivos 	RV
11 25/9 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Práctico de análisis de expresión diferencial <ul style="list-style-type: none"> ○ Tutorial para el ajuste de modelos en R ○ Contrastes y Gráficos de Venn ○ Generación de reportes de expresión 	RV
12 26/9 18:00-21:00	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Transcriptómica mediante secuenciación <ul style="list-style-type: none"> ○ Uso de mRNAseq y su análisis estadístico y visual ○ Ejercicio práctico con datos reales y tareas. 	AdG
13 5/10 18:00-21:00	3:20	20	Presentaciones finales de los trabajos realizados por cada grupo	RV