



CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática I

Nombre Curso

SEMESTRE

2

AÑO

2014

PROF. ENCARGADO

Ricardo Alejandro Verdugo Salgado

13.199.074-K

Nombre Completo

RUT

Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, U-Chile

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO

(2) 2978-9527

E-MAIL

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

Lunes 18:00-21:00

DIA / HORARIO
POR SESION

Miércoles 18:00-21:00

LUGAR

A determinar

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)

Informe de trabajo (nota grupal) 70%

Presentación (nota individual) 30%

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)

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

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

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

Rodrigo Assar (RAs) – PGH, ICBM, rodrigo.assar@gmail.com

Alejandro Sepúlveda (AS) – PGH, ICBM, a.sepulvedagu@gmail.com

Ricardo Armisen (RAR) – PFP, ICBM, rarmisen@gmail.com

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.

S. Seminarios, PGH: Sala Seminarios Danko Brncic, Programa de Genética Humana, Bloque C, 1° piso, Facultad de Medicina. Independencia 1027.

FECHA Y UBICACION	HORAS PRESENCIALES	HORAS NO PRESENCIALES	DESCRIPCION ACTIVIDAD	PROFESOR
Modulo 1: Generación y análisis de secuencias genómicas				
1 11/8 18:00-21:00 PGH	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 	RV
2 14/8 18:00-21:00 PGH	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 	RAr
3 18/8 18:00-21:00 CMM	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/AdG
4 20/8 18:00-21:00 CMM	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/AdG
5 25/8 18:00-21:00 CMM	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 	DT/AdG

6 27/8 18:00-21:00 CMM	3:20	6	Presentaciones de avance en los trabajos realizados por cada grupo	RV, DT/AdG
Módulo 2: Generación y análisis de datos transcriptómicos				
7 1/9 18:00-21:00 PGH	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 3/9 18:00-21:00 PGH	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 	RAs
9 8/9 18:00-19:30 PGH	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 	RAs
10 10/9 19:30-21:00 PGH	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 15/9 18:00-21:00 PGH	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 22/9 18:00-21:00 PGH	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. 	AS
13 29/9 18:00-21:00 PGH	3:20	20	Presentaciones finales de los trabajos realizados por cada grupo	RV