



## CURSO DE POSTGRADO

*Bioinformática II*

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

56 (2) 978-9527

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	30
Nº HORAS NO PRESENCIALES	68
Nº HORAS TOTALES	98

CRÉDITOS

3

(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

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 Medicina (FMed)**

Programa de Genética Humana (PGH)  
Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM)  
Escuela de Salud Pública (ESP)

Ricardo Verdugo (RV) – PGH, ICBM  
Rodrigo Assar (RA) – PGH, ICBM  
Felipe Medina (FM) – PGH, ICBM, ESP

### **Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas (FCFM)**

Centro de Modelamiento Matemático (CMM)  
Centro para la Regulación del Genoma (CRG)  
Departamento de Ingeniería Matemática (DIM)  
Departamento de Ingeniería Química y Biotecnología (DIQB)  
Instituto Milenio de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB)

Nicolas Loira (NL) – CRG & CMM FCFM  
Andrew Hart (AH) – CMM, FCFM  
J. Cristian Salgado (CS) – DIQB, ICDB

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

Institute of Medical Biometry and Informatics (IMBI)  
Statistical Genetics Group (SGG)

Dr. Justo Lorenzo Bermejo (JL) – SGG, IMBI, [lorenzo@imbi.uni-heidelberg.de](mailto:lorenzo@imbi.uni-heidelberg.de)

## DESCRIPCIÓN / OBJETIVOS

*Bioinformática II es un curso avanzado de aplicaciones bioinformáticas en el campo de la biomedicina. Particularmente, uso de datos “ómicos” en genética y en el modelamiento de proteínas.*

*Los objetivos de este curso son:*

- 1) Entregar conceptos sobre minería de datos para la identificación de patrones predictivos o clasificatorias de enfermedad o respuesta a tratamiento*
- 2) Revisar la generación e interpretación de distintos tipos redes génicas*
- 3) Demostrar la inferencia de relaciones causales a partir de datos “ómicos” en estudios observacionales*
- 4) Teoría y práctica de genética estadística*
- 5) Introducir el modelamiento de estructuras moleculares y sus interacciones*

## CALENDARIO DE ACTIVIDADES

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

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

**S. Computación 2:** Sala de Computación 2, 2° piso Escuela de Kinesiología, Facultad de Medicina. Independencia 1027.

FECHA Y UBICACION	HORAS PRESENCIALES	HORAS NO PRESENCIALES	DESCRIPCION ACTIVIDAD	PROFESOR
<b>Módulo 1: Biología y Genética de Sistemas</b>				
Sesión 1 27/10 18:00-21-00  Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Introducción a la Biología de Sistemas</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Qué son las redes metabólicas</li> <li>○ Conceptos de análisis de flujos</li> <li>○ Ejemplo de algoritmo</li> <li>○ Asignación de trabajos por grupo</li> </ul> </li> </ul>	RA
Sesión 2 29/10 18:00-21-00  Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ <b>Introducción a la clusterización de datos:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Métodos supervisados y no supervisados.</li> <li>○ Aprendizaje de Máquinas</li> <li>○ Análisis de Componentes Principales</li> <li>○ Agrupamiento jerárquico</li> </ul> </li> </ul>	RA
Sesión 3 3/11 18:00-21-00  Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ <b>Inferencia de Redes de co-expresión</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Independent Component Analysis</li> <li>○ Inferencia efectos causales con datos observacionales</li> <li>○ Paquete PCalgo de R</li> </ul> </li> </ul>	FM
Sesión 4 10/11 18:00-21-00  Sala Seminarios PGH	3:20	6	Presentaciones de avance en los trabajos realizados por cada grupo	AH y RV
<b>Módulo 2: Genética y Bioinformática</b>				
Sesión 5 17/11 18:00-21-00  Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ <b>Genética Estadística</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Nociones de riesgo, odds ratio</li> <li>○ Diseños experimentales para la búsqueda de factores genéticos predictivos</li> <li>○ Definición de genotipo y SNP</li> <li>○ Asociación alélica</li> </ul> </li> </ul>	JL

<p>Sesión 6 18/11 18:00-21:00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	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>	JL
<p>Sesión 7 19/11 18:00-19:30</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	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>	JL
<p>Sesión 8 24/11 19:30-21-00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Introducción Bioinformática Estructural</b></li> <li>○ Predicción de estructura de proteínas</li> <li>○ Modelamiento de la interacción proteína-ligando</li> </ul>	CS
<p>Sesión 9 26/11 18:00-21-00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Trabajo práctico guiado de bioinformática estructural</li> </ul>	CS
<p>Sesión 10 3/12 18:00-21-00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	12	<p>Presentaciones finales de los trabajos realizados por cada grupo</p>	CS y RV