



CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática I

Nombre Curso

SEMESTRE

2°

AÑO

2018

PROF. ENCARGADO

Rodrigo Assar

13.672.064-3

Nombre Completo

RUT

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

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO

(2) 2978-9527

E-MAIL

rodrigo.assar@gmail.com

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	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

Ninguno

INICIO

16 de Agosto 2018

TERMINO

07 de Noviembre 2018

DIA/HORARIO
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

DIA / HORARIO
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

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 ACADEMICAS)

Rodrigo Assar – PGH, ICBM, rodrigo.assar@gmail.com
Luis Valenzuela – PGH, ICBM, luis.valenz.v@gmail.com
Dante Travisany – CMM & CRG, FCFM, dtravisany@gmail.com

Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas (FCFM)

Centro de Modelamiento Matemático (CMM)
Centro para la Regulación del Genoma (CRG)
Departamento de Ingeniería Matemática (DIM)

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)

Rodrigo Assar (RA) – PGH, ICBM, rodrigo.assar@gmail.com
Luis Valenzuela (LV) – PGH, ICBM, luis.valenz.v@gmail.com

DESCRIPCIÓN

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.

OBJETIVOS

- 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”*

CONTENIDOS / TEMAS

- 1) *Generación y análisis de secuencias genómicas*
- 2) *Generación y análisis de datos transcriptómicos*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

1. *Primer to Analysis of Genomic Data Using R.* Cedric Gondro. Springer. 2015
2. *Statistical Methods in Bioinformatics: An Introduction.* Warren J. Ewens, Gregory R. Grant. Springer. 2013.

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

1. *Genome Annotation.* Jun Soh et al. CRC Press. 2016.

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.

Heidelberg Center para América Latina. Las Hortensias 2340. Providencia.

FECHA Y UBICACION	HORAS PRESENCIALES	HORAS NO PRESENCIALES	DESCRIPCION ACTIVIDAD	PROFESOR
Modulo 1: Generación y análisis de secuencias genómicas				
1 16/8 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 	RA
2 23/8 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 ○ Introducción a R 	RA
3 30/8 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
4 6/9 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
5 13/9 18:00-21:20 HDG	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

6 15/9 9:00-12:20 HDG	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Análisis de resultados post-expresión diferencial ○ Control de tasa de falsos positivos ○ Clustering y enriquecimiento funcional 	DT
Módulo 2: Generación y análisis de datos transcriptómicos				
7 15/9 13:40-17:00 HDG	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la transcriptómica ○ Conceptos de expresión génica ○ Dogma central de la biología ○ Microarrays de DNA: diseño y uso 	RA
8 27/9 18:00-21:20 PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Procesamiento y análisis de datos de microarrays ○ Características generales de datos de micorarrays ○ Control de calidad y nromalización de datos brutos ○ Expresión diferencial ○ Práctico con R 	RA
9 4/10 18:00-19:30 PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Transcriptómica mediante secuenciación ○ Uso de mRNAseq, análisis estadístico y visual ○ Ejercicio práctico con datos reales y tareas. 	RA
10 8/10 18:00-21:20 CMM	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Presentaciones de los trabajos realizados por cada grupo 	DT
11 11/10 18:00-21:00 PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Práctico de análisis post expresión diferencial ○ Enriquecimiento: teoría ○ Enriquecimiento: práctico con R 	LV
12 18/10 18:00-21:00 PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Trabajo práctico con R: expresión diferencial y enriquecimiento 	RA
13 7/11 18:00-21:00 PGH	2	6	Presentaciones finales de los trabajos realizados por cada grupo	RA