



UNIVERSIDAD DE CHILE
FACULTAD DE MEDICINA
ESCUELA DE POSTGRADO

CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática II

Nombre Curso

SEMESTRE

2°

AÑO

2016

PROF. ENCARGADO

Rodrigo Assar

13.672.064-3

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) 978-9630

E-MAIL

rodrigoassar@med.uchile.cl

TIPO DE CURSO

Avanzado

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

CLASES	21:40 HRS.
SEMINARIOS	03:20
PRUEBAS	2 HRS.
TRABAJOS	08:20 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

24 de Octubre 2016

TERMINO

7 de Diciembre 2016

DIA/HORARIO
POR SESION

Ver Calendario de Actividades

DIA / HORARIO
POR SESION

LUGAR

Facultad de Medicina, Independencia 1027. Sala de seminarios PGH y salas de Computación

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)

Facultad de Medicina (FMed)

Programa de Genética Humana (PGH)
Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM)

Ricardo Verdugo (RV) – PGH, ICBM
Rodrigo Assar (RA) – PGH, ICBM

Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas (FCFM)

Departamento de Ingeniería Química y Biotecnología (DIQB)
Instituto Milenio de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB)
Departamento de Ciencias de la Computación (DCC)

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

DESCRIPCIÓN

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.

OBJETIVOS

- 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*

CONTENIDOS / TEMAS

- 1) *Biología y Genética de Sistemas*
- 2) *Bioinformática Estructural*
- 3) *Genética Estadística*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

1. *Handbook of Systems Biology. Marian Walhout et al. Elsevier. 2013.*
2. *Statistics for Biology and Health: Statistical Methods in Bioinformatics. Warren J. Ewens, Gregory R. Grant. Springer. 2013.*
3. *Structural Bioinformatics. Jenny Gu, Philip E. Bourne. Wiley-Blackwell. 2011.*

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

1. *Computational Systems Biology of Cancer. Emmanuel Barillot et al. CRC Press, 2013.*
2. *Cancer: a Systems Biology disease. JJ Homberg et al. Biosystems, 83(2-3):81-90. 2006.*

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
Módulo 1: Biología y Genética de Sistemas				
Sesión 1 24/10 18:00-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la Biología de Sistemas <ul style="list-style-type: none"> ○ Ómicas y Biología Computacional ○ Ejemplos de algoritmos y softwares ○ Asignación de trabajos por grupo 	RA
Sesión 2 25/10 18:00-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Clustering y Machine learning en Bioinformática: <ul style="list-style-type: none"> ○ Métodos supervisados y no supervisados. ○ Aprendizaje de Máquinas ○ Agrupamiento jerárquico y Enriquecimiento funcional 	RA
Sesión 3 26/10 18:00-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Búsqueda eficiente en bases de datos biológicas <ul style="list-style-type: none"> ○ Bases de datos de textos biológicas: ADN, ARNs y proteínas. ○ Búsqueda eficiente de información en bases de datos biológicas ○ Herramientas computacionales. 	RA
Sesión 4 8/11 18:00-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	Presentaciones de avance en los trabajos realizados por cada grupo	RA y RV
Módulo 2: Bioinformática Estructural y Genética Estadística				
Sesión 5 14/11 19:30-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> • Introducción a la Bioinformática Estructural <ul style="list-style-type: none"> ○ Predicción de estructura de proteínas ○ Modelamiento de la interacción proteína-ligando 	CS
Sesión 6 16/11 18:00-21-00 Sala Seminarios PGH	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Trabajo práctico guiado de bioinformática estructural 	CS

<p>Sesión 7 17/11 18:00-21-00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Genética Estadística ○ Nociones de riesgo, odds ratio ○ Diseños experimentales para la búsqueda de factores genéticos predictivos ○ Definición de genotipo y SNP ○ Asociación alélica 	JL
<p>Sesión 8 18/11 18:00-21:00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ Equilibrio de recombinación, factores influyentes y su estimación ○ Estima de haplotipos y de haplogenotipos ○ Análisis y relevancia del equilibrio de Hardy-Weinberg ○ Análisis estadístico de estudios genéticos con un diseño caso-control ○ Predicción del tamaño muestral 	JL
<p>Sesión 9 19/11 18:00-19:30</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	3:20	6	<ul style="list-style-type: none"> ○ El problema de la multiplicidad en estudios genéticos ○ Ejercicio práctico de variantes genéticas usando R 	JL
<p>Sesión 10 7/12 18:00-21-00</p> <p>Sala Seminarios PGH</p>	2	4	Exposiciones Trabajo autoguiado	RA y RV

PROFESORES PARTICIPANTES (HORAS)

Docente	clases	práctico	examen	Total
Justo Lorenzo	8:20	1:40		10:00
Rodrigo Assar	6:40	1:40	1:00	9:20
Cristian Salgado	3:20	3:20		6:40
DCC	3:20			3:20
Ricardo Verdugo		1:40	1:00	2:40
		Total curso		32:00