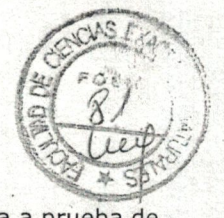


Programa

Programa Perspectivas Bioinformáticas de la Genómica Comparativa Funcional y Estructural (2011)



Análisis de Datos de Microarrays

Día 1.

Teoría. Joaquín Dopazo

Introducción a genómica funcional y nuevas herramientas genómicas. Porqué utilizar datos masivos. Puesta a prueba de hipótesis pre y postgenómicas. Diseño de experimentos. Microarrays y NGS. Preprocesamiento de datos y normalización. Biomarcadores y predictores. Interpretación funcional de resultados.

Prácticas. Hernán Dopazo y Francisco García

Introducción al Sistema Operativo Linux. Ventajas de su utilización y aplicación en bioinformática.

Introducción al lenguaje de programación R.

- Descripción e instalación de R. Documentación y ayuda.
- Objetos. Creación y manejo básico de datos.
- Creación de funciones.
- Estadística básica y gráficos.

Día 2.

Análisis de datos de microarrays. Javier Santoyo y Francisco García

Normalización. Detección y tratamiento de fuentes de variabilidad no relacionadas con las condiciones experimentales. Normalización de arrays de Affymetrix, Agilent 1 color y arrays de dos colores.

- Expresión diferencial. Métodos para la selección de genes diferencialmente expresados entre dos o más condiciones experimentales, correlacionadas con variables continuas o análisis de supervivencia. Corrección por tests múltiples.
- Predictores. ¿Cómo construir un predictor usando datos de microarrays?. Diferentes metodologías para la predicción de clases. Estimación del error de predicción.
- Análisis de datos ACGH. Normalización, análisis de segmentación y detección de regiones alteradas comunes.

Prácticas.

- Introducción a la herramienta web Babelomics para el análisis de datos de expresión génica.

Día 3. Bases de Datos y analisis funcional. Teoría y Practica

- Introducción a las bases de datos en bioinformatica. Bases de datos de secuencias, dominios funcionales de proteínas, microRNAs, interacciones proteina-proteina y ontología de genes. Búsqueda en bases de datos para un gran numero de genes.

- Interpretación funcional de microarrays.

- Anotación Funcional utilizando FatiGO.

- Enriquecimiento funcional usando Gene Set Methods.

- Interacción Proteína-Proteína. Interactoma. Anotacion funcional a traves de SNOW. Análisis estadístico de interacciones.

Introducción a las Técnicas de NGS

Día 4. Next Generation Sequencing. NGS. Teoría y Practica

- Introducción a las tecnologías de NGS. Tecnologías de ultrasecuenciación. Características y aplicaciones.

- Infraestructura computacional para el análisis de datos de NGS.

- Control de calidad (QC) de lecturas de NGS y pre-procesado. Formatos FastQ. Evaluación de lecturas por FastQC.

Filtrado de lecturas por medio de FastX-toolkit.

- Introducción al mapeo de lecturas de NGS contra un genoma de referencia Programas BWA y Bowtie. Formatos SAM, BAM.

- Secuenciación de exomas para descubrimiento de mutaciones. Técnicas y métodos de descubrimiento y anotación de mutaciones. Mapeo por BWA. Transformación por SAM-tools del fichero SAM. Descubrimiento de mutaciones por GATK y SAMtools. Anotacion de secuencias utilizando la plataforma web SeattleSeq.

Día 5. RNASeq. Teoría y Practica

DR. ESTEBAN R. HASSON
DIRECTOR
DEPTO ECOLOGIA GENÉTICA Y EVOLUCION

Uba course

- Introducción a RNA-Seq: RNA-Seq vs MicroArrays. Bias estadísticos. Protocolo de laboratorio.
- Mapeo de lecturas en RNA-Seq: Mapeadores habituales. Artefactos de mapeo. Situaciones conflictivas: splicing alternativo y mapeo múltiple
- Control de calidad: Parámetros básicos. Estimación del número de lecturas necesarias;
- Análisis estadístico de RNA-Seq: Estimación de isoformas. Normalización. Expresión diferencial.



DR. ESTEBAN R. MASSON
DIRECTOR
DEPTO ECOLOGIA, GENETICA Y EVOLUCION
FCEN-UBA

22/07/20



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 489.372/2007

Buenos Aires,

12 SEP 2011

VISTO:

La nota de fecha 22/07/2011, del Dr. Esteban Hasson Director del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL** que será dictado entre el 24 y el 29 de octubre de 2011 por el Dr. Esteban Hasson y el Dr. Hernan Dopazo.

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado de esta Facultad el 03/08/2011,
lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Postgrado,
lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración
lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,
en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
RESUELVE:**

Artículo 1°: Autorizar el dictado del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL**, de 44 horas de duración.

Artículo 2°: Aprobar el Programa del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL** obrante a fs 81 y 82 del expediente de la referencia.


Artículo 3°: Ratificar un puntaje máximo de dos (2) puntos para la Carrera del Doctorado.

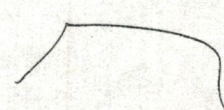
Artículo 4°: Aprobar un arancel de 300 módulos. Disponer que los montos recaudados serán utilizados conforme a los dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Biblioteca de la FCEN y a la Subsecretaría de Postgrado (con fotocopia del Programa incluida fs 81 y 82). Cumplido Archívese.

-- 22931

RESOLUCIÓN CD N° _____
SPI med/ 05/03/2011


Dr. JAVIER LÓPEZ DE CASENAVE
SECRETARIO ACADEMICO


Dr. JORGE ALIAGA
DECANO