

En los últimos años se han publicado trabajos en revistas científicas de contenido tradicionalmente clínico (*New England Journal of Medicine*, *Rheumatology*, *Diabetes*, *Clinical Oncology*, *Hepatology*, etc) en los que se han utilizado nuevos sistemas de análisis genómico de alto rendimiento (tecnología high-throughput) para resolver problemas de la práctica habitual que afectan a áreas clínicas como Oncología Médica, Hematología, Reumatología, Pediatría, Endocrinología o Medicina Interna.

Un ejemplo son los microarrays que permiten realizar miles de ensayos, de forma simultánea, rápida, controlada y en un reducido espacio, con sólo una pequeña muestra biológica. Se están empleando para propósitos como el análisis de la expresión génica, la caracterización del grado de metilación del ADN o el análisis de variantes genéticas (SNP y CNV). Estas tecnologías se están utilizando en los últimos años para afrontar problemas clínicos tales como la identificación de factores genéticos relacionados con la etiología y/o el riesgo de presentar una enfermedad, su diagnóstico molecular, el pronóstico de la misma o la variabilidad en la respuesta al tratamiento.

Consideramos importante que los facultativos que desarrollan su actividad profesional en el ámbito hospitalario adquieran la capacitación necesaria para realizar un análisis crítico de los resultados de dichos estudios, extrayendo las conclusiones sobre su grado de aplicabilidad en la práctica clínica habitual.

Destinatarios:

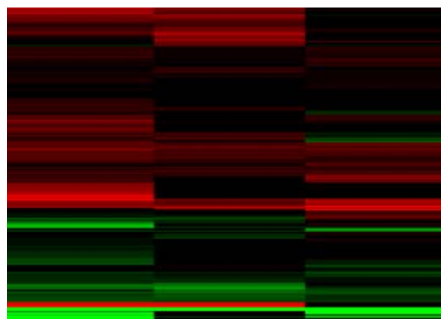
- Licenciados en Medicina, Biología, Bioquímica, Farmacia.
- F.E.A. médicos y farmacéuticos
- Investigadores
(Unidades/Fundaciones/Institutos de Investigación en el ámbito hospitalario)

Modalidad de formación: Semipresencial.

Número total de participantes: 50.

Número total de horas: 80h.

- Sesiones presenciales: 18h.
- Actividad no presencial: 62h.
 - Evaluación.
 - Tutorías.
 - Actividades académicamente dirigidas.



CURSO

Genómica aplicada a la Medicina Clínica BIOINFORMÁTICA Y NANOMEDICINA



MÁS INFORMACIÓN E INSCRIPCIONES

<http://genomicaobn.webfactional.com/cursogenomica>

Sesiones presenciales: 23 y 24 de noviembre de 2010

Sesión online: hasta el 23 de febrero de 2011

Institut Català de Ciències Cardiovasculars (ICCC)

Antiguo Convento – Hospital de la Santa Creu i Sant Pau
Barcelona





SESIONES PRESENCIALES. Institut Català de Ciències Cardiovasculars (ICCC)

Día 23 de Noviembre de 2010

- 09:00-09:15h – Presentación del curso.
- 09:15-10:00h – Introducción a la Bioinformática y Biología computacional. Presentación del Instituto Nacional de Bioinformática (INB).
- 10:00-10:30h – Bases de datos biomédicas: NCBI (GEO), ENSEMBL, OMIM, EBI, NCI, PHARMGKB, NOVOSEEK (Versión Beta), GENCARD, HPR (Atlas). Visual Genomics.
- 10:30-11:15h – Introducción a la Nanomedicina: Sistemas AFM, RMN (exploración cromosómica), bioluminiscencia, biosensores y nanosensores.
- 11:15-11:45h – Café.
- 11:45-12:30h – Utilidad del uso de herramientas y estrategias de Biología Computacional en la investigación clínica.
- 12:30-13:15h – Microarrays I: Plataformas, tipos de datos, métodos de análisis, representación e interpretación (clustering, enriquecimiento de términos): Empleo de GEPAS, Babelomics, Blast2Go.
- 13:15-14:00h – Microarrays II: microRNA, microarrays de metilación: diagnósticos y perfiles de metilación.
- 14:00-15:30h – Almuerzo.
- 15:30-16:15h – Ultrasecuenciación (NGS): Introducción a las técnicas de secuenciación masiva.
- 16:15-17:00h – Biomarcadores moleculares con aplicación clínica: Rastreo, análisis experimental y patológico.
- 17:00-17:45h – Variaciones genómicas I. Conceptos básicos de genética. Estructura, regulación y variación génica (SNP y CNV).
- 17:45-18:30h – Variaciones genómicas II. Criterios de selección de SNPs para el genotipado en estudios poblacionales: herramientas para la predicción funcional (SYSNPs y SNPator). eQTLs. Predicción de TFBS.
- 18:30-19:00h – Variaciones genómicas III. Microarrays de SNP, CGH y estudios poblacionales de asociación fenotípica.

Día 24 de Noviembre de 2010

- 09:00-09:45h – Farmacogenética y farmacogenómica I. Teoría, bases de datos y herramientas para el análisis farmacogenético.
- 09:45-10:30h – Farmacogenética y farmacogenómica II. Aplicación práctica de herramientas de Biología Computacional en estudios farmacogenéticos.
- 10:30-11:15h – Terapia genómica en biomedicina. Utilización de sintéticos en el silenciamiento génico mediado por el mecanismo de ARN de interferencia.
- 11:15-11:45h – Café.
- 11:45-12:30h – Aplicación de la microencapsulación de células al desarrollo de órganos bioartificiales productores de medicamentos.
- 12:30-13:15h – Enfermedades monogénicas I. Enfermedades monogénicas en niños y adolescentes.
- 13:15-14:00h – Enfermedades monogénicas II. Enfermedades monogénicas en adultos.
- 14:00-15:30h – Almuerzo.
- 15:30-16:15h – Aplicaciones de recuperación de información, extracción y text mining para medicina molecular
- 16:15-17:00h – Simulación computacional de la función de las proteínas y su uso para el diseño de fármacos.
- 17:00-17:45h – Procesamiento de imagen I. Imágenes moleculares (digitalvideo). Teoría de segmentación, inteligencia artificial, Realidad Aumentada (RA) diseño de patrones QR. Casos de estudios oncológicos.
- 17:45-18:30h – Procesamiento de imagen II. Visual Genomics (aGEM): Anatomic Gene Expression Mapping.
- 18:30-19:15h – Análisis bioinformáticos a gran escala: BioMart. BioMOBY.Taverna. IWEMM-INB.
- 19:15-19:30h – Conclusiones del curso. Roaming meeting. Evaluación del curso.

ORGANIZAN

Institut Català de Ciències Cardiovasculars (ICCC) – IIB Sant Pau
 Centro de Investigación Biomédica en Red “Fisiopatología de la obesidad y la nutrición” (CIBERobn)
 Instituto Nacional de Bioinformática (INB).
 Centro de Investigación Biomédica en Red en Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina (CIBERbnn)