

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 permite 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:

- M.I.R./F.I.R.
- F.E.A. médicos y farmacéuticos
- Investigadores
(Unidades/Fundaciones/Institutos de Investigación en el ámbito hospitalario)

Modalidad de formación: Semipresencial.

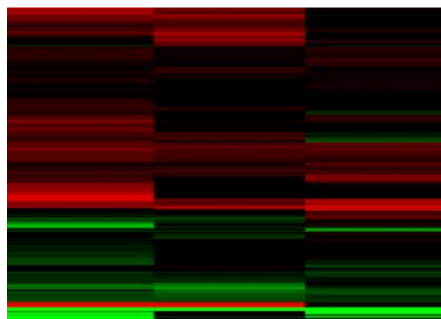
Número total de participantes: 50.

Número total de horas: 80h.

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

Acreditación:

Actividad acreditada por el **Consell Català de la Formació Mèdica Continuada - Comisión de Formación Continuada de las Profesiones Sanitarias**, con **11,6 créditos**.



Genoma España



CURSO **Genómica** aplicada a la MEDICINA CLÍNICA



INSCRIPCIÓN

Consultar la página web del curso:

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

13 y 14 de octubre (sesiones presenciales)
Hasta el 13 de diciembre de 2009 (sesión online)
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 13 de Octubre de 2009

- 09:00-09:15h - Presentación del curso.
- 09:15-10:00h - Introducción a la Bioinformática traslacional y Biocomputación. Aspectos de la informática médica aplicada.
- 10:00-10:30h - Utilidad del uso de herramientas y estrategias de Biología Computacional en investigación clínica.
- 10:30-11:15h - Microarrays I: Plataformas, tipos de datos, métodos de análisis, representación e interpretación.
- 11:15-11:45h - Café.
- 11:45-12:30h - Microarrays II: Microarrays de expresión génica y microRNA.
- 12:30-13:15h - Microarrays III: Microarrays de metilación: diagnósticos y perfiles de metilación del ADN.
- 13:15-14:00h - Microarrays IV: Genómica funcional: herramientas para el análisis de expresión génica diferencial, clasificación, *clustering* y enriquecimiento de términos GO: GEPAS, Babelomics-INB.
- 14:00-16:00h - Almuerzo.
- 16:00-16:45h - Variaciones genómicas I: Conceptos sobre estructura, regulación y variación génica (SNP y CNV).
- 16:45-17:30h - Variaciones genómicas II: Selección de SNPs para el genotipado en estudios poblacionales.
- 17:30-18:00h - Café.
- 18:00-18:45h - Variaciones genómicas III: Microarrays de SNP y estudios poblacionales de asociación fenotípica.
- 18:45-19:30h - Variaciones genómicas IV: Microarrays de CGH y estudios poblacionales de asociación fenotípica.

Día 14 de Octubre de 2009

- 09:00-09:45h - Farmacogenética y farmacogenómica I: Teoría, bases de datos y herramientas para el análisis en estudios farmacogenéticos.
- 09:45-10:30h - Farmacogenética y farmacogenómica II: Aplicación de herramientas de Biología Computacional.
- 10:30-11:15h - Enfermedades monogénicas I: Enfermedades monogénicas en adultos.
- 11:15-11:45h - Café.
- 11:45-12:30h - Enfermedades monogénicas II: Enfermedades monogénicas en niños y adolescentes.
- 12:30-13:15h - Enfermedades genéticas complejas I: *Text mining. Medical Ontologies.*
- 13:15-14:00h - Enfermedades genéticas complejas II: Redes interacción proteína-proteína. Biología de Sistemas.
- 14:00-16:00h - Almuerzo.
- 16:00-16:45h - Bases de datos, servicios y flujos de trabajo I: NCBI (GEO), ENSEMBL, OMIM, EBI, NCI, PHARMGKB, NOVOSEEK (Versión Beta), GENCARD, HPR (Atlas). Visual Genomics.
- 16:45-17:30h - Bases de datos, servicios y flujos de trabajo II: BioMart. BioMOBY. Taverna, IWEMM-INB.
- 17:30-18:15h - Conclusiones del curso. *Roam meeting.* Evaluación del curso.

ORGANIZAN

Centro de Investigación Biomédica en Red "Fisiopatología de la obesidad y la nutrición" (CIBERObn)-Instituto de Salud Carlos III.
 Institut Català de Ciències Cardiovasculars (ICCC).
 Instituto Nacional de Bioinformática (INB).