

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: 40.

Número total de horas: 80h.

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

Acreditación:

Se ha solicitado la acreditación como Curso de Formación Continuada a la Comisión de Formación Continuada del Sistema Nacional de Salud de la Comunidad de Madrid (Agencia Iañ Entralgo).



CURSO Genómica aplicada a la MEDICINA CLÍNICA



INSCRIPCIÓN

Consultar la página web del curso:

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

16 y 17 noviembre de 2009

Hospital Universitario Ramón y Cajal
Madrid





SESIONES PRESENCIALES (Hospital Universitario Ramón y Cajal)

Día 16

9.00-9.15h -Presentación del curso

9.15-10.00h -Introducción a la Bioinformática. Bioinformática traslacional y Biocomputación.

10.00-10.30h -Utilidad del uso de herramientas y estrategias de Biología Computacional investigación clínica.

10.30-11.15h -Microarrays I: Presentación de las diferentes plataformas. Tipos de datos, métodos de análisis, representación, marcaje, hibridación interpretación y evolución, marcadores y aspectos clínicos.

11.15-11.45h. -Café.

11.45-12.30h -Microarrays II: Expresión, comparación, microRNA.

12.30-13.15h -Microarrays III: Microarrays de metilación: diagnósticos y perfiles de metilación.

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 básicos de genética. Estructura, regulación y variación genéticas (SNP y CNV).

16.45-17.30h -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.

18.00-18.45h -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 17

9.00-9.45h -Farmacogenética y farmacogenómica I: Teoría, bases de datos y herramientas para el análisis farmacogenético.

9.45-10.30h -Farmacogenética y farmacogenómica II: Aplicación práctica de uso de herramientas de Biología Computacional en estudios farmacogenéticos.

10.30-11.15h -Herramientas y estrategias para el estudio de enfermedades monogénicas I: Enfermedades monogénicas en adultos.

11.15-11.45h. -Café.

11.45-12.30h -Herramientas y estrategias para el estudio de enfermedades monogénicas II: Enfermedades monogénicas en niños y adolescentes.

12.30-13.15h -Herramientas y estrategias para el estudio de enfermedades genéticas complejas I: Text mining. Medical Ontologies.

13.15-14.00h -Herramientas y estrategias para el estudio de enfermedades genéticas complejas II: Estudio de interacciones proteína-proteína y su utilidad para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades.

14.00-16.00h. -Almuerzo.

16.00-16.45h -Bases de datos, servicios y flujos de trabajo I: NCBI (GEO), EMBL, 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. *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.

Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario Ramón y Cajal

Instituto Nacional de Bioinformática (INB).