



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.**

## CURSO Genómica aplicada a la MEDICINA CLÍNICA

### 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 actividad formativa para facultativos especialistas y residentes a la Agencia de Calidad Sanitaria de Andalucía y a la Comisión Nacional de Formación Continuada.



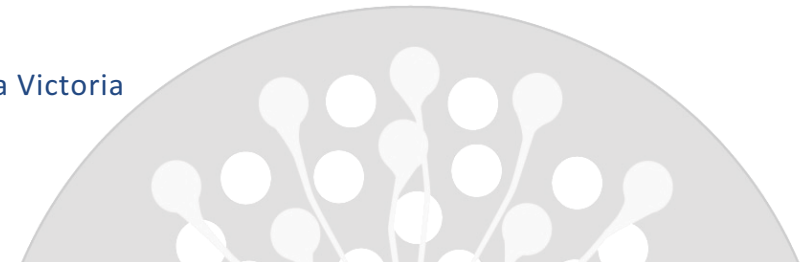
## INSCRIPCIÓN

Consultar la página web del curso:

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

24 septiembre-24 noviembre 2009

Hospital Universitario Virgen de la Victoria  
Málaga





## SESIONES PRESENCIALES (Hospital Universitario Virgen de la Victoria)

### Día 24 de septiembre

09.00-09.15h.-Presentación del curso

09.15-10.00h.-Introducción a la Bioinformática traslacional y Biocomputación

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 25 de septiembre

09.30-9.45h.-Farmacogenética y farmacogenómica I: Teoría, bases de datos y herramientas para el análisis en estudios farmacogenéticos.

9.45-10.30h.-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), ESEMBL, 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.
- Fundación Instituto Mediterráneo para el Avance de la Biotecnología y la Investigación Sanitaria (IMABIS).
- Instituto Nacional de Bioinformática (INB).