



Diplomado Bioinformática para profesionales de la salud

El Centro de Cibernética Aplicada a la medicina convoca al Diplomado Bioinformática para profesionales de la salud.

Este diplomado incluye cuatro asignaturas y está dirigido, preferentemente, a todos aquellos profesionales que desempeñen su labor dentro de las ciencias biomédicas. Sólo se exige como condición para la matrícula una formación universitaria y conocimientos mínimos de inglés.

Información que deben enviar los interesados

- Nombre completo.
- Institución y departamento donde trabaja actualmente.
- Estudios universitarios realizados (Licenciaturas, Ingenierías, maestrías, doctorados u otros diplomados). Años de inicio y culminación de estos estudios.
- Nivel de Inglés.
- Dirección de correo y/o número de teléfono

Esta información la deben enviar a Kiria Valdés Crespo (kiria@cecam.sld.cu), con copia a Miguel Sautié Castellanos (mesc@cecam.sld.cu)

Fecha de inicio: Lunes, 2 de junio de 2009.

Profesores:

Nerys González García	nerys@cecam.sld.cu
José Luis Hernández Cáceres	cacerjlh@cecam.sld.cu
Miguel Sautié Castellanos	mesc@cecam.sld.cu
Carlos Miguel Martínez Ortiz	carlosmmo@cecam.sld.cu
Kiria Valdés Crespo	kiria@cecam.sld.cu
Reyder Risco Soria	ryderr@cecam.sld.cu
Miguel Martín Martínez	mmm@cecam.sld.cu
María A. Zardón Navarro	mzardon@cngen.sld.cu

Asignaturas:

- Modelos matemáticos en sistemas biológicos (24 h)
- Curso introductorio de programación (35 h)
- Análisis de secuencias biológicas (46 h)
- Bioinformática estructural y proteómica (24 h)
- Curso de nivelación (8 h)

CRONOGRAMA

- Conferencias introductorias para la presentación y apertura del diplomado: 2 de junio, 9:00 a.m. — 12:00 a.m.
- Curso introductorio de programación 5 junio - 30 julio (4 h por semana) Evaluación: 8 de septiembre
- Curso de nivelación, 3 de junio - 6 de julio (1-2 h por semana)
- Análisis de secuencias biológicas, 1 de septiembre - 30 de noviembre (4h por semana)
- Bioinformática estructural y proteómica, 19 de octubre - 7 de diciembre (4h por semana)
- Modelos matemáticos en sistemas biológicos, 1 de septiembre - 21 octubre (4h por semana)

Algunas características generales del diplomado

- Actividades docentes de carácter presencial, 6 horas de un día por semana, durante 7 meses.
- Evaluación y certificado independiente por asignatura.
- El diploma final sólo se otorgará cuando se haya presentado y discutido el trabajo final.
- Solo se requiere como condición previa para presentar el trabajo final, haber cursado las cuatro asignaturas.

Contenidos de las asignaturas.

1. Modelos matemáticos en sistemas biológicos

Importancia de la modelación matemática en la ciencia moderna. Lecciones de la revolución científica del siglo 17. Idealización, experimento mental y modelo matemático. Enfoque de arriba hacia abajo y de abajo hacia arriba.

Logros paradigmáticos dentro de la biología molecular: Mendel y Morgan. Michaelis-Menten, Hodgkin-Huxley.

Modelos no lineales y estimación no lineal. Electroencefalograma y EEG cuantitativo. Electrocardiograma y ECG espectral. Variabilidad de la Frecuencia Cardíaca. Dispersión q-t. Datos de epidemias. Redes neurales. Actividades prácticas.

2. Curso introductorio de programación

En este curso se abordarán básicamente tres lenguajes: Cpp, Java y PERL.

- Programación orientada a objetos en Cpp

Introducción a la POO (Programación Orientada a Objetos) y los TAD (Tipos de Datos Abstractos). Diseño e implementación del TAD lista general. Implementación de las delegaciones ForEach y FirstThat en el TAD Lista. Diseño e implementación de multilistas. Diseño e implementación de árboles binarios (lexicográficos e hilvanados). Diseño e implementación de árboles generales. Diseño e implementación de grafos. Enfoque OO del uso de ficheros.

- Programación orientada a objetos en Java

Introducción al lenguaje y a la plataforma java. Sintaxis de Java. APIs, Paquetes y Clases más importantes para la Bioinformática. Temas Avanzados de la Programación Orientada a Objetos en Java. Introducción a la Programación Visual. Introducción al trabajo con bases de datos en java. La creación y consulta de bases de datos biológicas. Introducción a la programación distribuida en Java. Creación y Consulta de Bases de Datos Distribuidas. Aplicaciones Java para la Web, Java Applets y Java Servlets. Ejecución de código de otros lenguajes y código nativo desde java.

- Introducción a PERL.

Herramientas para la Bioinformática en PERL, Matlab y R.

3. Análisis de secuencias biológicas.

Reconocimiento exacto de palabras basado en comparación de caracteres (Boyer –Moore, Knuth- Morris- Pratt, Aho- Corasick, etc.). Algoritmos seminuméricos para la búsqueda de patrones exactos e inexactos en secuencias biológicas. Descripción de algoritmos para la construcción de árboles de sufijos y aplicación de estos en la bioinformática. Representación matemática de patrones en secuencias biológicas. Análisis Estadístico de Palabras. Herramientas del NCBI. Entrez. Formatos de datos del Genbank, Fasta. Alineamientos por pares de secuencias biológicas y alineamientos múltiples. Algoritmos de Hirschberg, Myers, algoritmo híbrido de k-diferencias, métodos de BYP o de CL. Alineamiento paramétrico. Aspectos computacionales de la secuenciación a gran escala y el ensamblaje de secuencias. Predicción de función biológica. Modelos de Markov ocultos y familias de proteínas.

Sistema de clasificación, Ontología de genes. Predicción de efecto fenotípico de mutaciones. Introducción a métodos de Minería de datos con aplicaciones en Genómica Funcional. Predicción de genes y secuencias regulatorias en Eucariotas y procariontes. Predicción de estructura secundaria en ARN, Gramáticas estocásticas. Análisis y predicción computacional de sitios inmunogénicos. Métodos computacionales en epidemiología genética, estudios de asociación caso-control y basados en familias. Métodos para la detección de epistasis. Minería de textos en bioinformática.

Introducción a la reconstrucción filogenética. Marcadores más utilizados. Árboles de Genes y Árboles de Especies. Modelos Evolutivos. Criterios de Estimación de Relaciones entre grupos. Clustering Clásico, Mínima Evolución, Máxima Parsimonia y Máxima Verosimilitud. Métodos Basados en Matrices de Distancia (Neighbor Joining, UPGMA y Fitch-Margoliash). Métodos Basados en Muestreos Exhaustivos de Grandes Espacios de Posibles Árboles (Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud, Métodos Bayesianos) Artefactos y Dificultades más frecuentes en la construcción de árboles (Saturación, Atracción por las ramas largas, Heterotaquia).

4. Bioinformática estructural y proteómica.

Estructura de las proteínas. Visualización molecular. Bases de datos PDB, NDB, formato de datos PDB, mmCIF, bases de datos secundarias SCOP, CATH, DALI. Relación estructura-función. Algoritmos de superposición de estructuras. Identificación de dominios y

estructura secundaria. Predicción de estructura de proteínas. Modelación por homología. Reconocimiento de pliegues, Métodos *Ab initio*. Predicción en una dimensión, estructura secundaria, hélices de membranas, accesibilidad a solvente, flexibilidad, pk, topología.

Introducción a la Proteómica. Análisis de geles. Análisis de espectros. Modificaciones post-traduccionales. Identificación de una proteína mediante un espectro de masas.

Diseño y Predicción de Fármacos. Relaciones cuantitativas estructura-propiedad (QSPR). Relaciones cuantitativas estructura-actividad (QSAR). CoMFA. Introducción al Docking. Estrategias de diseño. Introducción a la Dinámica Molecular.

Curso de nivelación (Adaptable a las necesidades de los estudiantes)

- Genética molecular
- Genética poblacional
- Genética Médica
- Bioquímica
- Metabolismo
- Introducción a la Lógica Matemática