

Análisis bioinformático de microarrays de expresión génica

Lugar: Unidad de Genómica. Sede Moncloa (UCM).

Fecha: 17, 18 de junio de 2010

Horario: de 9:30 a 18:30.

Duración: 16 horas

Precio: 900 €

Director del curso: Dr. Javier Arroyo Nombela. Dpto. de Microbiología II (UCM).

Profesores:

Dr. José Manuel Rodríguez Peña. Dpto. de Microbiología II (UCM)

Dr. Jesús García Cantalejo, D. Pedro Botías Talamantes. Unidad de Genómica, sede Moncloa.

PROGRAMA

PRIMER DÍA

Introducción a la tecnología de microarrays, tipos de plataformas y aplicaciones.
Diseño experimental. Conceptos básicos de diseño de experimentos con microarrays.
Análisis imagen/es de microarrays. Control de calidad. Preprocesado y normalización de datos en plataforma abierta y plataforma Affymetrix.
Selección de genes diferencialmente expresados. Métodos estadísticos aplicables en microarrays. El problema de las comparaciones múltiples (Multiple Testing).

SEGUNDO DÍA

Métodos de clustering. Búsqueda de patrones de expresión en datos de microarrays.
Bases de datos de experimentos de expresión.
Análisis funcional e interpretación biológica. Data Mining.

* Cada alumno dispondrá de un equipo.

Los software utilizados a lo largo del curso para las diferentes sesiones prácticas serán de acceso libre en la red.

Gestiona Aula Científica S.L.

