

2007-2017



INGEMM



Hospital Universitario La Paz
Hospital de Cantoblanco
Hospital Carlos III

Comunidad de Madrid

IdiPAZ
Instituto de Investigación
Hospital Universitario La Paz

ciberer



3.- ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE DATOS DE SECUENCIACIÓN MASIVA APLICADO AL ENTORNO CLÍNICO

Fecha: 20 y 21 de noviembre 2017



Lugar: INGEMM

Objetivo del curso: El curso está diseñado para dar una formación clara y práctica sobre aspectos del análisis bioinformático en la secuenciación masiva y cuya necesidad surge en profesionales de la salud e investigadores que abordan estudios en el entorno clínico tanto para diagnóstico como investigación.

Directores del Curso: Dres. Ángela del Pozo y Pablo Lapunzina

Contacto y Preinscripción: jnevado@salud.madrid.org (PLAZAS LIMITADAS; hasta 16 plazas, antes del 20 septiembre de 2017) con breve CV.

Modalidades: El curso consta de dos bloques teóricos y uno práctico en el que los alumnos podrán familiarizarse a nivel de usuario con los programas más usados actualmente en la bioinformática. Público al que va dirigido: personal médico y sanitario e investigadores en áreas aplicadas en la salud. Pendiente de acreditación.

Coste: 400 euros

Forma de Pago: Mediante transferencia bancaria a favor de la FIBHULP (Fundación para la investigación biomédica del hospital Universitario de la Paz) por el importe del curso entre 21 de septiembre y el 30 de octubre de 2017. Se debe hacer constar el nombre del participante y curso seleccionado.

TEMARIO: Bloque I: La secuenciación masiva (NGS) y el proceso de análisis de datos (primer día completo). Este módulo tiene como objetivo introducir la técnica de secuenciación masiva a la audiencia y explicar las fases del análisis bioinformático para generar un estudio completo de cada muestra. Se abordarán cuestiones referentes al control de calidad de datos y su implicación en el diagnóstico.

Bloque II: Prácticas en el análisis de datos bioinformáticos (mañana del segundo día). Este módulo se centrará en un caso práctico en el que los alumnos analizarán de forma completa una muestra caracterizada de antemano. Los alumnos tendrán que responder a unas cuestiones planteadas como conclusión al estudio de dicha muestra.

Bloque III: Aplicaciones del análisis bioinformático en las áreas de salud (tarde del segundo día). Este módulo pretende abordar algunas de las aplicaciones de las técnicas de secuenciación masiva que se están llevando a cabo en diversas áreas de la salud. Se abordarán estudios de transcriptómica, epigenética, análisis bioinformático aplicado al cáncer y microbiología.

Personal docente: por concretar