



CICLO ESPECIAL DE CURSOS 2010 MAESTRÍA EN BIOINFORMÁTICA PEDECIBA

La Maestría en Bioinformática del PEDECIBA tiene el agrado de difundir el siguiente curso en el marco del Ciclo Especial de Cursos que está llevando adelante desde el mes de Agosto de 2010 hasta el mes de Febrero de 2011 (aproximadamente) con la participación especial de invitados del exterior.

Estos cursos podrán ser tomados como Optativas por parte de los estudiantes de la Maestría en Bioinformática, teniendo éstos preferencia al momento de la inscripción.

Las inscripciones deberán realizarse una semana antes de comenzar cada curso al mail de la Maestría (bioinformatica@pedeciba.edu.uy).

Se adjunta en la siguiente página la información de dicho curso.

Saluda atte.,

Ing. Jorge Corral
Encargado Docente



**Maestría
Bioinformática**



Curso: "Temas en Diseño y Análisis de Experimentos con Microarrays"

Profesora Invitada: Dra. Alicia Carriquiry (alicia@iastate.edu), Departamento de Estadística, Iowa State University (<http://www.public.iastate.edu/~alicia/>)

Fecha: del Jueves 28 de Octubre al Viernes 5 de Noviembre de 2010

Horarios: de 9 a 12hs.

Lugar: Institut Pasteur de Montevideo (a confirmar).

Conocimientos previos recomendados: métodos estadísticos a nivel introductorio, biología a nivel introductorio.

Evaluación: se requiere que los estudiantes asistan a clase y lean el material que se asigna.

Idioma: el curso será dictado en español estando las notas de clase en inglés.

Programa:

Introducción (aprox. 2 horas):

- Conceptos básicos sobre la tecnología de arrays cDNA.
- Conceptos básicos sobre la tecnología de arrays GeneChip (Affymetrix, oligonucleotide...).
- Procesamiento de imágenes.
- Normalización.

Diseño de experimentos (aprox. 4 horas):

- Aleatorización y la importancia de los diseños que incorporan aleatorización.
- Confounding (confusores?).
- Diseños split-plot: Diseños en bloques completos aleatorios y diseños completamente aleatorios.
- Diseños en bloques incompletos.
- Cuadrados latinos y otros diseños.
- Cómo elegir el diseño apropiado.

Métodos para ajustar inferencias en tests múltiples (aprox. 6 horas):

- El problema de "multiple testing".
- Bonferroni, Holm's, False Discovery Rate (FDR), Benjamini y Hochberg, Storey y Tibshirani.
- Modelos de mezclas (mixture models).



Estimación de expresión diferencial (aprox. 5 horas):

- Modelos para expresión.
- Estimación de varianzas a nivel de gen y tests de t moderados.
- Metodología de Bayes empírico.

Materiales: Notas de clase, escritas por el Profesor Dan Nettleton, Departamento de Estadística, Iowa State University. Material bibliográfico que será distribuido electrónicamente antes de comenzar el curso.